

Europäisches Patentamt
European Patent Office
Office européen des brevets



(11) EP 1 006 189 A2

A19

(12)

EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG

(43) Veröffentlichungstag:
07.06.2000 Patentblatt 2000/23

(21) Anmeldenummer: 99123738.9

(22) Anmeldetag: 30.11.1999

(51) Int. Cl.⁷: C12N 15/52, C12N 15/54,
C12N 15/60, C12N 15/77,
C12P 13/02
// C12N1/21, (C12R1/15, 1:19)

(84) Benannte Vertragsstaaten:
AT BE CH CY DE DK ES FI FR GB GR IE IT LI LU
MC NL PT SE
Benannte Erstreckungsstaaten:
AL LT LV MK RO SI

(30) Priorität: 01.12.1998 DE 19855312

(71) Anmelder:
• Degussa-Hüls Aktiengesellschaft
60287 Frankfurt am Main (DE)

• FORSCHUNGSZENTRUM JÜLICH GMBH
52425 Jülich (DE)

(72) Erfinder:
• Eggeling, Lothar, Dr.
52428 Jülich (DE)
• Thierbach, Georg, Dr.
33613 Bielefeld (DE)
• Sahm, Herrmann, Prof.Dr.
52428 Jülich (DE)

(54) Verfahren zur fermentativen Herstellung von D-Pantothensäure unter Verwendung coryneformer Bakterien

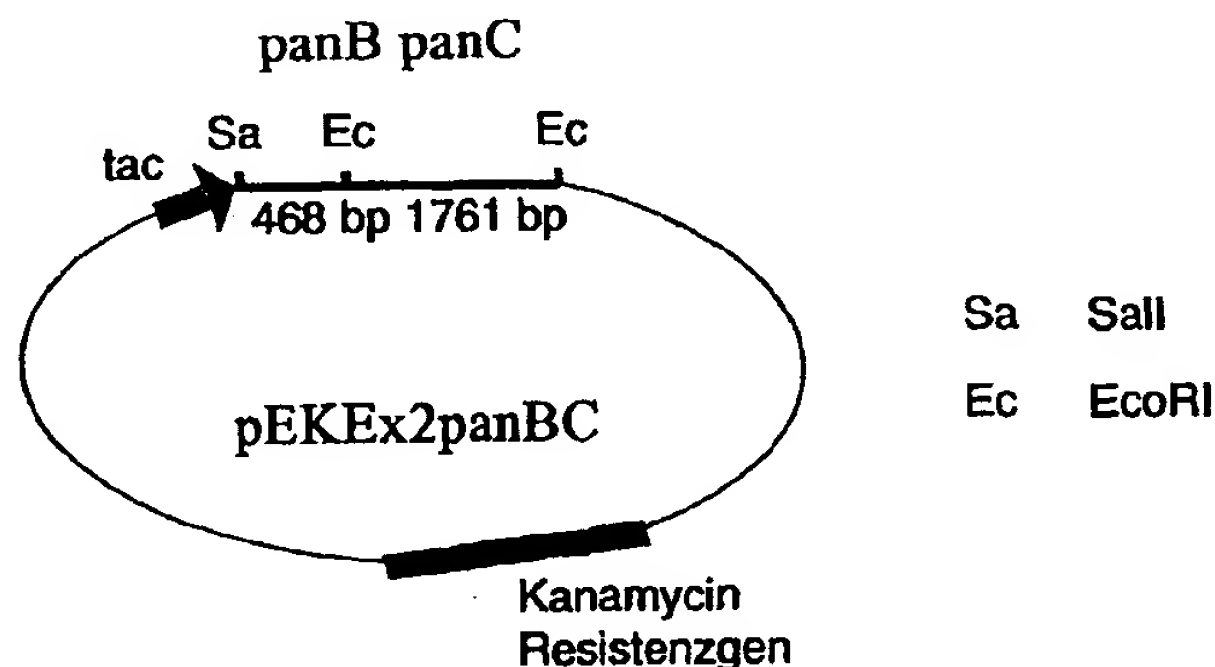
(57) Die Erfindung betrifft in Mikroorganismen der Gattung *Corynebacterium* replizierbare, gegebenenfalls rekombinante DNA mit der Herkunft *Corynebacterium*, die zumindest eine der folgenden Nucleotidsequenzen enthält, ausgewählt aus der Gruppe:

- a) codierend für das panB-Gen (Ketopantoathydroxymethyltransferase), dargestellt in der SEQ-ID-No.1,
- b) codierend für das panC-Gen (Pantothenatsyn-

thetase), dargestellt in der SEQ-ID-No.1, insbesondere das panBC-Operon und gegebenenfalls c) codierend für das ilvD-Gen (Dihydroxysäuredehydratase), dargestellt durch die SEQ-ID-No.4,

und ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von D-Pantothensäure unter Verwendung von Mikroorganismen der Gattung *Corynebacterium*, in denen die genannten Gene verstärkt werden.

Abbildung 2



EP 1 006 189 A2

Beschreibung

Stand der Technik

- 5 [0001] Die Pantothersäure stellt ein kommerziell bedeutendes Vitamin dar, das in der Kosmetik, der Medizin, der Humanernährung und in der Tierernährung Anwendung findet.
- [0002] Pantothersäure kann durch chemische Synthese oder biotechnologisch durch Fermentation geeigneter Mikroorganismen in geeigneten Nährlösungen hergestellt werden. Der Vorteil der biotechnologischen Herstellung durch Mikroorganismen liegt in der Bildung der gewünschten stereo-isomeren D-Form der Pantothersäure.
- 10 [0003] Verschiedene Arten von Bakterien, wie z. B. *Escherichia coli*, *Corynebacterium erythrogenes*, *Brevibacterium ammoniagenes* und auch Hefen, wie z. B. *Debaromyces castellii* können, wie in EP-A 0 493 060 gezeigt, in einer Nährlösung, die Glucose, DL-Pantoinsäure und β -Alanin enthält, D-Pantothersäure produzieren. EP-A 0 493 060 zeigt weiterhin, daß bei *Escherichia coli* durch Amplifikation von Pantothersäure-Biosynthesegenen mittels der Plasmide pFV3 und pFV5 die Bildung von D-Pantothersäure verbessert wird.
- 15 [0004] EP-A 0 590 857 betrifft Stämme von *Escherichia coli*, die Resistenzen gegen verschiedene Antimetabolite, wie z. B. Salizylsäure, α -Ketobuttersäure, β -Hydroxyasparaginsäure etc. tragen und in einer Nährlösung, die Glucose und β -Alanin enthält, D-Pantoinsäure und D-Pantothersäure produzieren. In EP- 0 590 857 wird weiterhin beschrieben, daß durch Amplifikation von nicht näher definierten Pantothersäure-Biosynthesegenen aus *E.coli*, die auf dem Plasmid pFV31 enthalten sind, die Produktion von D-Pantoinsäure und D-Pantothersäure in *E.coli* verbessert werden kann.
- 20 [0005] In WO 97/10340 wird darüber hinaus gezeigt, daß in Pantothersäure bildenden Mutanten von *Escherichia coli* durch Erhöhung der Aktivität des Enzyms Acetohydroxysäure-Synthase II, einem Enzym der Valin Biosynthese, die Pantothersäure-Produktion weiter gesteigert werden kann.

Aufgabe der Erfindung

- 25 [0006] Die Erfinder haben sich zur Aufgabe gestellt neue Grundlagen für verbesserte Verfahren zur fermentativen Herstellung von D-Pantothersäure mit Hilfe coryneformer Bakterien bereitzustellen.

Beschreibung der Erfindung

- 30 [0007] Das Vitamin Pantothersäure stellt ein kommerziell bedeutendes Produkt dar, das in der Kosmetik, der Medizin, der Humanernährung und in der Tierernährung Anwendung findet. Es besteht daher ein allgemeines Interesse daran verbesserte Verfahren zur Herstellung von Pantothersäure bereitzustellen.

- 35 Wenn im folgenden Text D-Pantothersäure oder Pantothersäure oder Pantothenat erwähnt werden, sind damit nicht nur die freie Säure, sondern auch die Salze der D-Pantothersäure wie z.B. das Calcium-, Natrium-, Ammonium- oder Kaliumsalz gemeint.

Gegenstand der Erfindung sind in Mikroorganismen der Gattung *Corynebacterium* replizierbare, gegebenenfalls rekombinante DNA mit der Herkunft *Corynebacterium*, die zumindest eine der folgenden Nucleotidsequenzen enthält, ausgewählt aus der Gruppe:

- 40 a) codierend für das panB-Gen (Ketopantoathydroxymethyltransferase), dargestellt in der SEQ-ID-No.1,
 b) codierend für das panC-Gen (Pantothenatsynthetase), dargestellt in der SEQ-ID-No.1, insbesondere das panBC-Operon und gegebenenfalls
 45 c) codierend für das ilvD-Gen (Dihydroxysäuredehydratase), dargestellt durch die SEQ-ID-No.4.

- [0008] Gegenstand der Erfindung sind ebenso replizierbare DNA gemäß dem genannten Anspruch 1 mit:

- 50 (i) den Nucleotidsequenzen, gezeigt in SEQ-ID-No.1, SEQ-ID-No.4,
 (ii) mindestens einer dieser Sequenzen, die den jeweiligen Sequenzen (i) innerhalb des Bereichs der Degeneration des genetischen Codes entsprechen oder
 (iii) mindestens einer dieser Sequenzen, die mit den zu jeweiligen Sequenzen (i) oder (ii) komplementären Sequenzen hybridisieren und gegebenenfalls
 55 (iiii) funktionsneutrale Sinnmutationen in (i).

- [0009] Ebenso werden beansprucht coryneforme Mikroorganismen, insbesondere der Gattung *Corynebacterium*, transformiert durch die Einführung einer oder mehrer replizierbarer DNA-Stücke.
 Gegenstand der Erfindung ist auch ein Verfahren zur Herstellung von D-Pantothersäure unter Verwendung, insbesond-

ere diese Säure bereits produzierender coryneformer Bakterien, in denen die Gene *panB* und *panC* einzeln oder kombiniert miteinander gegebenenfalls kombiniert mit einer Defektmutation im *ilvA*-Gen oder einer Verstärkung der Gene *ilvBN*, *ilvC* oder *ilvD* verstärkt, insbesondere überexprimiert werden.

5 [0010] Der Begriff „Verstärkung“ beschreibt in diesem Zusammenhang die Erhöhung der intrazellulären Aktivität eines oder mehrerer Enzyme in einem Mikroorganismus, die durch die entsprechende DNA kodiert werden, indem man z. B. die Kopienzahl des(der) Gene erhöht, einen starken Promotor verwendet oder ein Gen verwendet, das für ein entsprechendes Enzym mit einer hohen Aktivität kodiert und gegebenenfalls diese Maßnahmen kombiniert.

[0011] Die Mikroorganismen, die Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind, können Pantothenensäure aus Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke, Cellulose oder aus Glycerin und Ethanol herstellen, 10 insbesondere aus Glucose oder Saccharose. Es handelt sich um coryneforme Bakterien z. B. der Gattungen *Corynebacterium* oder *Arthrobacter*. Bei der Gattung *Corynebacterium* ist insbesondere die Art *Corynebacterium glutamicum* zu nennen, die in der Fachwelt für ihre Fähigkeit bekannt ist, Aminosäuren zu bilden. Zu dieser Art gehören Wildtypstämme wie z. B. *Corynebacterium glutamicum* ATCC13032, *Brevibacterium flavum* ATCC14067, *Corynebacterium melassecola* ATCC17965 und davon abgeleitete Stämme.

15 [0012] Die Erfinder fanden heraus, dass nach Verstärkung, insbesondere Überexpression, der neu isolierten D-Pantothenatbiosynthesegene *panB* und *panC* einzeln oder gemeinsam (*panBC*-Operon) aus *Corynebacterium glutamicum*, die für die Enzyme Ketopantoathydroxymethyltransferase und Pantothenatesynthetase kodieren, in verbesserter Weise D-Pantothenat produziert wird.

[0013] Die Erfinder haben weiter festgestellt, daß eine verstärkte Expression des neuen Valinbiosynthesegens *ilvD* 20 aus *Corynebacterium glutamicum*, welches für das Enzym Dihydroxysäuredehydratase kodiert, zur erhöhten D-Pantothenatbildung beiträgt. Erfindungsgemäss bewirken neben diesem Gen auch die verstärkte Expression der *ilvBN*-Gene, die für das Enzym Acetohydroxysäuresynthase kodieren, und des *ilvC*-Gens, das für das Enzym Isomero-reduktase kodiert, in *Corynebacterium glutamicum* eine erhöhte D-Pantothenatbildung.

[0014] Zur Erzielung einer Verstärkung (Überexpression) erhöht man z. B. die Kopienzahl der entsprechenden 25 Gene oder mutiert die Promotor- und Regulationsregion, die sich stromaufwärts des Strukturgens befindet. In gleicher Weise wirken Expressionskassetten, die stromaufwärts des Strukturgens eingebaut werden. Durch induzierbare Promotoren ist es zusätzlich möglich die Expression im Verlaufe der fermentativen D-Pantothenatbildung zu steigern. Durch Maßnahmen zur Verlängerung der Lebensdauer der m-RNA wird ebenfalls die Expression verbessert. Weiterhin wird durch Verhinderung des Abbaus des Enzymproteins ebenfalls die Enzymaktivität verstärkt. Die Gene oder Genkonstrukte liegen dabei entweder in Plasmidvektoren mit unterschiedlicher Kopienzahl vor oder sind im Chromosom integriert und amplifiziert. Alternativ kann weiterhin eine Überexpression der betreffenden Gene durch Veränderung der 30 Medienzusammensetzung und Kulturführung erreicht werden. Anleitungen hierzu findet der Fachmann unter anderem bei Martin et al. (Bio/Technology 5, 137-146 (1987)), bei Guerrero et al. (Gene 138, 35-41 (1994)), Tsuchiya und Morinaga (Bio/Technology 6, 428-430 (1988)), bei Eikmanns et al. (Gene 102, 93-98 (1991)), in der Europäischen Patentschrift EPS 0 472 869, im US Patent 4,601,893, bei Schwarzer und Pühler (Bio/Technology 9, 84-87 (1991)), bei Reinscheid et al. (Applied and Environmental Microbiology 60, 126-132 (1994)), bei LaBarre et al. (Journal of Bacteriology 175, 1001-1007 (1993)), in der Patentanmeldung WO 96/15246, bei Jensen und Hammer (Biotechnology and Bioengineering 58, 191-195 (1998)) oder im Handbuch „Manual of Methods for General Bacteriology der American Society for Bacteriology (Washington D.C., USA, 1981) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie.

40 [0015] Zur Isolierung der Gene *panB* und *panC* aus *C. glutamicum* wird zunächst eine Genbank dieses Mikroorganismus in *E. coli* angelegt. Das Anlegen von Genbanken ist in allgemein bekannten Lehrbüchern und Handbüchern niedergeschrieben. Als Beispiel seien das Lehrbuch von Winnacker: Gene und Klone, Eine Einführung in die Gentechnologie (Verlag Chemie, Weinheim, Deutschland, 1990) oder das Handbuch von Sambrook et al.: Molecular Cloning, A Laboratory Manual (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) genannt. Eine bekannte Genbank ist die 45 des *E. coli* K-12 Stammes W3110, die von Kohara et al. (Cell 50, 495 - 508 (1987)) in λ -Vektoren angelegt wurde. Bathe et al. (Molecular and General Genetics, 252:255-265, 1996) beschreiben eine Genbank von *C. glutamicum* ATCC13032, die mit Hilfe des Cosmidvektors SuperCos I (Wahl et al., 1987, Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 84:2160-2164) im *E. coli* K-12 Stamm NM554 (Raleigh et al., 1988, Nucleic Acids Research 16:1563-1575) angelegt wurde. Zur Herstellung einer Genbank von *C. glutamicum* in *E. coli* können auch Plasmide wie pBR322 50 (Bolivar, Life Sciences, 25, 807-818 (1979)) oder pUC19 (Norlander et al., 1983, Gene, 26: 101-106) verwendet werden. Als Wirte eignen sich besonders solche *E. coli*-Stämme, die restriktions- und rekombinationsdefekt sind. Ein Beispiel hierfür ist der Stamm DH5 α mc r , der von Grant et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 87 (1990) 4645-4649) beschrieben wurde.

[0016] Die Genbank wird anschließend in einen Indikatorstamm durch Transformation (Hanahan, Journal of Molecular Biology 166, 557-580, 1983) oder Elektroporation (Tauch et al., 1994, FEMS Microbiological Letters, 123:343-347) eingebaut. Der Indikatorstamm zeichnet sich dadurch aus, dass er eine Mutation in dem interessierenden Gen besitzt, die einen detektierbaren Phänotyp z.B. eine Auxotrophie hervorruft. Die Indikatorstämme bzw. Mutanten sind 55 aus publizierten Quellen oder Stammsammlungen erhältlich oder werden gegebenenfalls selbst hergestellt. Im Rahmen

der vorliegenden Erfindung ist die *E. coli* Mutante DV39 (Vallari und Rock, Journal of Bacteriology 1985, 164:136-142), die eine Mutation im *panC*-Gen trägt, von besonderem Interesse. Ein anderes Beispiel für eine Pantothenensäure-bedürftige *E. coli* Mutante ist der Stamm SJ2, der eine Mutation im *panB*-Gen trägt und vom Genetic Stock Center der Yale University (New Haven, Connecticut, USA) bezogen werden kann. Ein weiteres Beispiel ist die im Rahmen der vorliegenden Erfindung isolierte *C. glutamicum* Mutante R127/7, die in dem für die Dihydroxysäuredehydratase kodierendem *ilvD*-Gen defekt ist. Nach Transformation des Indikatorstammes wie z.B. der *panB*-Mutante SJ2 mit einem rekombinanten Plasmid, welches das interessierende Gen wie z.B. das *panB*-Gen trägt, und Expression des betreffenden Gens, wird der Indikatorstamm bezüglich der entsprechenden Eigenschaft wie z.B. der Pantothenensäure-Bedürftigkeit prototroph.

[0017] Das dergestalt isolierte Gen bzw. DNA-Fragment kann durch Bestimmung der Sequenz, wie z.B. bei Sanger et al. (Proceedings of the National of Sciences of the United States of America USA, 74:5463-5467, 1977) beschrieben, charakterisiert werden.

[0018] Auf diese Weise wurde die neue für die Gene *panB* und *panC* kodierende DNA-Sequenz von *C. glutamicum* erhalten, die als SEQ ID NO 1 Bestandteil der vorliegenden Erfindung ist. Weiterhin wurden aus der vorliegenden DNA-Sequenz mit den oben beschriebenen Methoden die Aminosäuresequenzen der entsprechenden Enzyme abgeleitet. In SEQ ID NO 2 ist die sich ergebende Aminosäuresequenz des *panB*-Genproduktes nämlich der Ketopantoathydroxymethyltransferase und in SEQ ID NO 3 die sich ergebende Aminosäuresequenz des *panC*-Genproduktes nämlich der Pantothenatsynthetase dargestellt. Weiterhin wurde auf diese Weise die neue für das *ilvD*-Gen kodierende DNA-Sequenz von *C. glutamicum* erhalten, die als SEQ ID NO 4 Bestandteil der vorliegenden Erfindung ist. In SEQ ID NO 5 ist die sich ergebende Aminosäuresequenz des *ilvD*-Genproduktes nämlich der Dihydroxysäuredehydratase dargestellt.

[0019] Kodierende DNA-Sequenzen, die sich aus SEQ ID NO 1 und/oder SEQ ID NO 4 durch einen degenerierten genetischen Code ergeben, sind ebenfalls Bestandteil der Erfindung. In gleicher Weise sind DNA-Sequenzen, die mit SEQ ID NO 1 und/oder SEQ ID NO 4 hybridisieren Bestandteil der Erfindung. In der Fachwelt sind weiterhin konservative Aminosäureaustausche wie z.B. Austausch von Glycin gegen Alanin oder von Asparaginsäure gegen Glutaminsäure in Proteinen als „Sinnmutationen“ (sense mutations) bekannt, die zu keiner grundsätzlichen Veränderung der Aktivität des Proteins führen d.h. funktionsneutral sind. Weiterhin ist bekannt, daß Änderungen am N- und/oder C-Terminus eines Proteins dessen Funktion nicht wesentlich beeinträchtigen oder sogar stabilisieren können. Angaben hierzu findet der Fachmann unter anderem bei Ben-Bassat et al. (Journal of Bacteriology 169:751-757 (1987)), bei O'Regan et al. (Gene 77:237-251 (1989)), bei Sahin-Toth et al. (Protein Sciences 3:240-247 (1994)), bei Hochuli et al. (Bio/Technology 6:1321-1325 (1988)) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie. Aminosäuresequenzen, die sich in entsprechender Weise aus SEQ ID NO 2, SEQ ID NO 3 und/oder SEQ ID NO 5 ergeben sind ebenfalls Bestandteil der Erfindung.

[0020] Das dergestalt charakterisierte Gen kann anschließend einzeln oder in Kombination mit anderen in einem geeigneten Mikroorganismus zur Expression gebracht werden. Eine bekannte Methode Gene zu exprimieren bzw. überzuexprimieren besteht darin diese mit Hilfe von Plasmidvektoren zu amplifizieren, die überdies mit Expressionssignalen ausgestattet sein können. Als Plasmidvektoren kommen solche in Frage, die in den entsprechenden Mikroorganismen replizieren können. Für *Corynebacterium glutamicum* kommen z.B. die Vektoren pEKEx1 (Eikmanns et al., Gene 102:93-98 (1991)) oder pZ8-1 (Europäische Patentschrift 0 375 889) oder pEKEx2 (Eikmanns et al. Microbiology 140: 1817-1828 (1994) oder pECM2 (Jäger et al. Journal of Bacteriology 174(16): 5462-5465 (1992)) in Frage. Beispiele für derartige Plasmide sind pEKEx2panBC und pECM3ilvBNCD, die in den Stämmen DH5 α mcr/pEKEx2panBC und DH5 α mcr/pECM3ilvBNCD enthalten sind. Plasmid pEKEx2panBC ist ein *E. coli*/*C. glutamicum* Pendelvektor der die Gene *panB* und *panC* trägt. Plasmid pECM3ilvBNCD ist ein *E. coli*/*C. glutamicum* Pendelvektor der neben dem *ilvD*-Gen weiterhin die Gene *ilvBN* und *ilvC* trägt.

[0021] Die Erfinder haben weiterhin gefunden, dass sich die Verstärkung der Gene *panB* und *panC* einzeln, gemeinsam oder in Kombination mit den Genen *ilvBN*, *ilvC* und *ilvD* in solchen Mikroorganismen vorteilhaft auswirkt, die eine reduzierte Synthese der Aminosäuren Threonin und Isoleucin aufweisen. Diese reduzierte Synthese kann durch Abschwächung oder Ausschaltung der entsprechenden Biosyntheseenzyme bzw. ihrer Aktivitäten erreicht werden. Hierfür kommen zum Beispiel die Enzyme Homoserindehydrogenase, Homoserinkinase, Threoninsynthase oder auch Threonindehydratase in Frage. Eine Möglichkeit Enzyme und deren Aktivitäten abzuschwächen oder auszuschalten sind Mutageneseverfahren.

[0022] Hierzu gehören ungerichtete Verfahren, die chemische Reagenzien wie z.B. N-methyl-N-nitro-N-nitrosoguanidin oder auch UV-Bestrahlung zur Mutagenese benutzen, mit anschließender Suche der gewünschten Mikroorganismen auf Bedürftigkeit für L-Threonin oder L-Isoleucin. Verfahren zur Mutationsauslösung und Mutantensuche sind allgemein bekannt und können unter anderem bei Miller (A Short Course in Bacterial Genetics, A Laboratory Manual and Handbook for Escherichia coli and Related Bacteria (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1992)) oder im Handbuch "Manual of Methods for General Bacteriology" der American Society for Bacteriology (Washington D.C., USA, 1981) nachgelesen werden.

[0023] Weiterhin gehören hierzu gerichtete rekombinante DNA-Techniken. Mit Hilfe dieser Methoden kann zum Beispiel das für die Threonindehydratase kodierende *ilvA*-Gen im Chromosom deletiert wird. Geeignete Methoden dazu sind bei Schäfer et al. (Gene (1994) 145: 69-73) oder auch Link et al. (Journal of Bacteriology (1998) 179: 6228-6237) beschrieben. Auch können nur Teile des Gens deletiert werden, oder auch mutierte Fragmente des Threonindehydratasegens ausgetauscht werden. Durch Deletion oder Austausch wird so ein Verlust oder eine Reduktion der Threonindehydrataseaktivität erreicht (Möckel et al., (1994) Molecular Microbiology 13: 833-842; Morbach et al., (1996) Applied Microbiology and Biotechnology 45: 612-620). Ein Beispiel für eine derartige Mutante ist der *C. glutamicum* Stamm ATCC13032 Δ *ilvA*, der eine Deletion im *ilvA*-Gen trägt.

[0024] Die erfindungsgemäß hergestellten Mikroorganismen können kontinuierlich oder diskontinuierlich im batch-Verfahren (Satzkultivierung) oder im fed batch (Zulaufverfahren) oder repeated fed batch Verfahren (repetitives Zulaufverfahren) zum Zwecke der Pantothenensäure-Produktion kultiviert werden. Eine Zusammenfassung über bekannte Kultivierungsmethoden sind im Lehrbuch von Chmiel (Bioprozesstechnik 1. Einführung in die Bioverfahrenstechnik (Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1991)) oder im Lehrbuch von Storhas (Bioreaktoren und periphere Einrichtungen (Vieweg Verlag, Braunschweig/Wiesbaden, 1994)) beschrieben.

[0025] Das zu verwendende Kulturmedium muß in geeigneter Weise den Ansprüchen der jeweiligen Mikroorganismen genügen. Beschreibungen von Kulturmedien verschiedenener Mikroorganismen sind im Handbuch "Manual of Methods for General Bacteriology" der American Society for Bacteriology (Washington D.C., USA, 1981) enthalten. Als Kohlenstoffquelle können Zucker und Kohlehydrate wie z.B. Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke und Cellulose, Öle und Fette wie z. B. Sojaöl, Sonnenblumenöl, Erdnussöl und Kokosfett, Fettsäuren wie z. B. Palmitinsäure, Stearinsäure und Linolsäure, Alkohole wie z. B. Glycerin und Ethanol und organische Säuren wie z. B. Essigsäure verwendet werden. Diese Stoffe können einzeln oder als Mischung verwendet werden. Als Stickstoffquelle können organische Stickstoff haltige Verbindungen wie Peptone, Hefeextrakt, Fleischextrakt, Malzextrakt, Maisquellwasser, Sojabohnenmehl und Harnstoff oder anorganische Verbindungen wie Ammoniumsulfat, Ammoniumchlorid, Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat und Ammoniumnitrat verwendet werden. Die Stickstoffquellen können einzeln oder als Mischung verwendet werden. Als Phosphorquelle können Kaliumdihydrogenphosphat oder Dikaliumhydrogenphosphat oder die entsprechenden Natrium haltigen Salze verwendet werden. Das Kulturmedium muß weiterhin Salze von Metallen enthalten wie z.B. Magnesiumsulfat oder Eisensulfat, die für das Wachstum notwendig sind. Schließlich können essentielle Wuchsstoffe wie Aminosäuren und Vitamine zusätzlich zu den oben genannten Stoffen eingesetzt werden. Dem Kulturmedium können überdies zur zusätzlichen Steigerung der Pantothenensäure-Produktion Vorstufen der Pantothenensäure wie z. B. Aspartat, β -Alanin; Ketolsovalerat, Ketopantoat, Pantoat und gegebenenfalls deren Salze zugesetzt werden. Die genannten Einsatzstoffe können zur Kultur in Form eines einmaligen Ansatzes hinzugegeben oder in geeigneter Weise während der Kultivierung zugefüttert werden.

[0026] Zur pH - Kontrolle der Kultur werden basische Verbindungen wie Natriumhydroxid, Kaliumhydroxid, Ammoniak oder saure Verbindungen wie Phosphorsäure oder Schwefelsäure in geeigneter Weise eingesetzt. Zur Kontrolle der Schaumentwicklung können Antischaummittel wie z.B. Fettsäurepolyglykolester eingesetzt werden. Zur Aufrechterhaltung der Stabilität von Plasmiden können dem Medium geeignete selektiv wirkende Stoffe z.B. Antibiotika hinzugefügt werden. Um aerobe Bedingungen aufrechtzuerhalten werden Sauerstoff oder Sauerstoff haltige Gasgemischungen wie z.B. Luft in die Kultur eingetragen. Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise bei 20°C bis 50°C und vorzugsweise bei 25°C bis 45°C. Die Kultur wird solange fortgesetzt bis sich ein Maximum an Pantothenensäure gebildet hat. Dieses Ziel wird normalerweise innerhalb von 10 Stunden bis 160 Stunden erreicht.

[0027] Die Konzentration an gebildeter Pantothenensäure kann mit bekannten Verfahren (Velisek; Chromatographic Science 60, 515-560 (1992)) bestimmt werden. Zur mikrobiologischen Bestimmung von Pantothenensäure wird gebräuchlicherweise der Stamm *Lactobacillus plantarum* ATCC8014 eingesetzt (U.S. Pharmacopeia 1980; AOAC International 1980). Darüberhinaus werden auch andere Testorganismen, wie z.B. *Pediococcus acidilactici* NCIB6990 zur mikrobiologischen Bestimmung von Pantothenatkonzentrationen eingesetzt (Sollberg and Hegna; Methods in Enzymology 62, 201-204 (1979)).

[0028] Folgende Mikroorganismen wurden bei der Deutschen Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ, Braunschweig, Deutschland) gemäß Budapest Vertrag hinterlegt:

- *Escherichia coli* K12 Stamm DH5 α mcr/pEKEx2panBC als DSM12456
- *Escherichia coli* K12 Stamm DH5 α mcr/pECM3ilvBNCD als DSM12457
- *Corynebacterium glutamicum* ATCC13032 Δ *ilvA* als DSM12455

Beispiele

[0029] Die vorliegende Erfindung wird im folgenden anhand von Ausführungsbeispielen näher erläutert.

Beispiel 1

Klonierung, Sequenzierung und Expression der Gene der Pantothenatbiosynthese panB und panC aus *C. glutamicum*

5 1. Klonierung des panB- und des panC-Gens

[0030] Chromosomale DNA von *C. glutamicum* ATCC13032 wurde wie bei Schwarzer und Pühler (Bio/Technology 9 (1990) 84-87) beschrieben isoliert und mit der Restriktionsendonuklease Sau3A geschnitten. Nach geelektrophoretischer Auftrennung wurden DNA-Fragmente in einem Größenbereich von 3 bis 7 kb bzw. von 9 bis 20 kb extrahiert und
10 nachfolgend in die singuläre BamHI Schnittstelle des Vektors pBR322 ligiert. Mit den Ligationsansätzen wurde der *E. coli* Stamm DH5 α mcr (Grant et al., Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America USA, 87 (1990) 4645-4649) transformiert (Hanahan, Journal of Molecular Biology 166 (1983) 557-580). Inserttragende Kolonien wurden anhand ihrer Tetracyclinsensitivität nach Überimpfen auf 10 μ g/ml Tetracyclin enthaltende LB-Agarplatten identifiziert. Durch Plasmidpräparationen (Sambrook et al., Molecular cloning. A laboratory manual (1989) Cold
15 Spring Harbour Laboratory Press) von vereinigten Klonen wurden 8 Gruppen, welche je 400 Plasmide mit einer Insertgröße von 9 bis 20 kb und 9 Gruppen, welche je 500 Plasmide mit einer Insertgröße von 3 bis 7 kb enthielten isoliert. Die *E. coli* panB Mutante SJ2 (Cronan et al. 1982, Journal of Bacteriology 149: 916-922) wurde mit dieser Genbank mittels Elektroporation (Wehrmann et al. 1994, Microbiology 140: 3349-3356) transformiert. Die Transformationsansätze wurden direkt auf CGXII-Medium mit 15 g/l Agar (Keilhauer et al., Journal of Bacteriology (1993) 175: 5595-5603)
20 ausplattiert. Von Klonen, welche in der Lage waren ohne Pantothenatsupplementation zu wachsen, wurde Plasmid-DNA isoliert (Sambrook et al., Molecular cloning. A laboratory manual (1989) Cold Spring Harbour Laboratory Press). Bei 8 Plasmiden konnte durch Retransformation die Fähigkeit, den panB-Defekt der *E. coli* Mutante SJ2 heterolog zu komplementieren, bestätigt werden.

[0031] Mit diesen 8 Plasmiden wurde eine Restriktionskartierung durchgeführt. Einer der untersuchten Plasmidvektoren, im Folgendem pUR1 genannt enthielt ein Insert von 9,3 kb Länge (Abbildung 1). Die Transformation der *E. coli* panC Mutante DV39 (Vallari und Rock 1985, Journal of Bacteriology 164: 136-142) ergab, daß der Vektor pUR1 ebenfalls in der Lage war den panC Defekt dieser Mutante zu komplementieren.

2. Sequenzierung des panB- und des panC-Gens

[0032] Ein 2,2 kb großes Fragment des Inserts (Abbildung 1) von pUR1 wurde nach der Dideoxy-Kettenabbruchmethode von Sanger et al. sequenziert (Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America USA (1977) 74: 5463-5467). Hierzu wurden zunächst mittels Exonuklease III Subklone erzeugt, die mit Hilfe von Standard Primern (Universal und reverse primer der Firma Boehringer Mannheim, Deutschland) sequenziert wurden.
35 Die gelelektrophoretische Analyse der Sequenzierungsansätze erfolgte mit dem automatischem Laser-Fluoreszenz Sequenziergerät (A.L.F.) von Amersham Pharmacia Biotech (Uppsala, Schweden). Die erhaltene Nukleotidsequenz wurde mit dem Programmpaket HUSAR (Release 4.0, EMBL, Cambridge, GB) analysiert. Die Nukleotidsequenz ist als SEQ ID NO 1 wiedergegeben. Die Analyse ergab die Identifizierung von zwei offenen Leserastern. Ein offenes Leseraster von 813 bp Länge, das als panB-Gen identifiziert wurde, kodiert für ein Polypeptid von 271 Aminosäuren und ist
40 als SEQ ID NO 2 wiedergegeben. Das zweite offene Leseraster, das als panC-Gen identifiziert wurde, umfaßt 837 Basenpaare. Es kodiert für ein Polypeptid von 279 Aminosäuren, das als SEQ ID NO 3 wiedergegeben ist.

3. Expression des panB- und des panC-Gens

[0033] Die Gene panB und panC wurden in den *C. glutamicum* Expressionsvektor pEKEx2 kloniert (Eikmanns et al. 1994, Microbiology 140: 1817-1828 (1994)), in welchem die beiden Gene unter der Kontrolle des starken, durch IPTG induzierbaren tac-Promotors vorliegen. Die Klonierung wurde in zwei Schritten durchgeführt. Zunächst wurde mittels PCR der Anfang des panB Gens amplifiziert. Hierzu wurde mit Hilfe eines entsprechenden Primers 19 bp vor dem Startcodon von panB eine Sall-Schnittstelle eingefügt (Primer 1: 5'GATCGTCGACCATCACATCTATACT-
50 CATGCCC 3'). Der zweite Primer wurde so gewählt, daß die panB interne EcoRI Schnittstelle im amplifizierten Fragment enthalten war (Primer 2: 5'ACCCG ATGTGGCCGACAACC 3'). Die PCR wurde mit einer Annealingtemperatur von 62°C und dem Plasmid pUR1 als Matrize nach Sambrook et al. (Molecular cloning. A laboratory manual, Cold Spring Harbour Laboratory Press (1989)) durchgeführt. Das resultierende 468 bp große PCR-Produkt wurde mit den Restriktionsendonukleasen Sall und EcoRI geschnitten und in den ebenso behandelten Vektor pEKEx2 ligiert. Mit dem
55 Ligationsansatz wurde der *E. coli* Stamm DH5 α mcr transformiert. Aus einer Transformante vom Typ DH5 α mcr/pEKEx2panB' wurde der Vektor pEKEx2panB' isoliert.

[0034] Aus dem Plasmid pUR1 wurde nun ein 1761 bp großes, die zweite Hälfte des panBC-Clusters enthaltendes, EcoRI Fragment mittels Restriktionsverdau ausgeschnitten. Dieses wurde in den schon das panB PCR-Produkt enthal-

tenden, zuvor mit EcoRI linearisierten pEKEx2panB' Vektor kloniert. Mit dem entsprechenden Ligationsansatz wurde der *E. coli* Stamm DH5 α mc^r transformiert. Aus einer Transformante vom Typ DH5 α mc^r/pEKEx2panBC wurde der Vektor pEKEx2panBC (Abbildung 2) isoliert, in dem das panBC-Gencluster unter der Kontrolle des tac-Promotors vorliegt.

5 Beispiel 2

Klonierung und Sequenzierung des für die Dihydroxysäuredehydratase kodierenden *ilvD*-Gens aus *C. glutamicum*

1. Isolierung einer *ilvD* Mutante von *C. glutamicum*

10

[0035] Der Stamm *C. glutamicum* R127 (Haynes 1989, FEMS Microbiology Letters 61: 329-334) wurde mit N-methyl-N-nitro-N-nitrosoguanidin mutagenisiert (Sambrook et al., Molecular cloning. A laboratory manual (1989) Cold Spring Harbour Laboratory Press). Dazu wurden 5 ml einer über Nacht angezogenen *C. glutamicum* Kultur mit 250 μ l N-methyl-N-nitro-N-nitrosoguanidin (5 mg/ml Dimethylformamid) versetzt und 30 Minuten bei 30°C und 200 Upm inkubiert (Adelberg 1958, Journal of Bacteriology 76: 326). Die Zellen wurden anschließend zweimal mit steriler NaCl-Lösung (0,9 %) gewaschen. Durch Replikaplattierung auf Minimalmediumplatten CGXII mit 15 g/l Agar (Keilhauer et al Journal of Bacteriology 175: 5595-5603), wurden Mutanten isoliert, die nur bei Zugabe von L-Valin, L-Isoleucin und L-Leucin (je 0,1 g/l) wuchsen.

15

[0036] Die Enzymaktivität der Dihydroxysäuredehydratase wurde im Rohextrakt dieser Mutanten bestimmt. Dazu wurden die Klone in 60 ml LB-Medium kultiviert und in der exponentiellen Wachstumsphase abzentrifugiert. Das Zellpellet wurde einmal mit 0,05 M Kaliumphosphatpuffer gewaschen und im selben Puffer resuspendiert. Der Zellaufschluß erfolgte mittels 10 minütiger Ultraschallbehandlung (Branson-Sonifier W-250, Branson Sonic Power Co, Danbury, USA). Anschließend wurden die Zelltrümmer durch eine 30 minütige Zentrifugation bei 13000 rpm und 4 °C abgetrennt und der Überstand als Rohextrakt in den Enzymtest eingesetzt. Der Reaktionsansatz des Enzymtests enthielt 0,2 ml 0,25 M Tris/HCl, pH 8, 0,05 ml Rohextrakt, und 0,15 ml 65 mM α , β -Dihydroxy- β -methylvalerat. Die Testansätze wurden bei 30 °C inkubiert, nach 10, 20 und 30 Minuten 200 μ l Proben genommen und deren Ketomethylvaleratkonzentration mittels HPLC-Analytik bestimmt (Hara et al. 1985, Analytica Chimica Acta 172: 167-173). Wie Tabelle 1 zeigt, weist der Stamm R127/7 keine Dihydroxysäuredehydrataseaktivität auf, wogegen die Isomero-reduktase und Acetohydroxysäuresynthase Aktivitäten als weitere Enzyme der Synthese der verzweigtkettigen Aminosäuren noch vorhanden sind.

30

Tabelle 1

35

Spezifische Aktivitäten (μ mol/min und mg Protein) verschiedener Enzyme in <i>C. glutamicum</i> Stämmen			
Stamm	Dihydroxysäure dehydratase	Isomero reduktase	Acetohydroxysäure synthase
R127	0,003	0,05	0,07
R127/7	0,000	0,06	0,09

40

2. Klonierung des *ilvD*-Gens von *C. glutamicum*

45

[0037] Chromosomale DNA aus *C. glutamicum* R127 wurde wie bei Schwarzer und Pühler (Bio/Technology 9 (1990) 84-87) beschrieben isoliert. Diese wurde mit dem Restriktionsenzym Sau3A (Boehringer Mannheim) gespalten und durch Saccharose-Dichte-Gradienten-Zentrifugation (Sambrook et al., Molecular cloning. A laboratory manual (1989) Cold Spring Harbour Laboratory Press) aufgetrennt. Die Fraktion mit dem Fragmentgrößenbereich von etwa 6-10 kb wurde zur Ligation mit dem Vektor pJC1 (Cremer et al., Molecular and General Genetics 220 (1990) 478-480) eingesetzt. Der Vektor pJC1 wurde hierzu mit BamHI linearisiert und dephosphoryliert. Fünf ng davon wurden mit 20 ng der genannten Fraktion der chromosomalen DNA ligiert und damit die Mutante R127/7 durch Elektroporation (Haynes und Britz, FEMS Microbiology Letters 61 (1989) 329-334) transformiert. Die Transformanten wurden auf die Fähigkeit getestet auf CGXII Agarplatten ohne Zugabe der verzweigtkettigen Aminosäuren wachsen zu können. Von über 5000 getesteten Transformanten wuchsen nach Replikaplattierung und zweitägiger Inkubation bei 30°C 8 Klone auf Minimalmediumplatten. Von diesen Klonen wurden Plasmidpräparationen, wie bei Schwarzer et al. (Bio/Technology (1990) 9: 84-87) beschrieben durchgeführt. Restriktionsanalysen der Plasmid-DNA ergaben, daß in allen 8 Klonen dasselbe Plasmid, im Folgendem pRV genannt, enthalten war. Das Plasmid trägt ein Insert von 4,3 kb und wurde durch Retransformation auf seine Fähigkeit die *ilvD*-Mutante R127/7 zu komplementieren getestet. Durch Subklonierung

55

wurde der für die Komplementation der Mutante R127/7 verantwortliche Bereich auf ein 2,9 kb *ScaI/XhoI*-Fragment eingegrenzt.

3. Sequenzierung des *ilvD*-Gens

5

[0038] Die Nukleinsäuresequenz des 2,9 kb *ScaI/XhoI*-Fragments wurde nach der Dideoxy-Kettenabbruchmethode von Sanger et al. durchgeführt (Proceedings of the National of Sciences of the United States of America USA (1977) 74: 5463-5467). Dabei wurde der Auto-Read Sequencing kit verwendet (Amersham Pharmacia Biotech, Uppsala, Schweden). Die gelelektrophoretische Analyse erfolgte mit dem automatischem Laser-Fluoreszenz Sequenziergerät (A.L.F.) von Amersham Pharmacia Biotech (Uppsala, Schweden). Die erhaltene Nukleotidsequenz wurde mit dem Programmpaket HUSAR (Release 4.0, EMBL, Cambridge, GB) analysiert. Die Nukleotidsequenz ist als ID SEQ NO 4 wiedergegeben. Die Analyse ergab ein offenes Leseraster von 1836 Basenpaaren, das als *ilvD*-Gen identifiziert wurde und für ein Polypeptid von 612 Aminosäuren kodiert, das als SEQ ID NO 5 wiedergegeben ist.

15 Beispiel 3

Konstruktion einer *ilvA* Deletionsmutante von *C. glutamicum*

[0039] Der Einbau einer Deletion in das *ilvA*-Gen von *Corynebacterium glutamicum* ATCC13032 wurde mit dem bei Schäfer et al. (Gene 145: 69-73 (1994)) beschriebenen System zum Genaustausch durchgeführt. Zur Konstruktion des Inaktivierungsvektors pK19mobsacB Δ *ilvA* wurde zunächst aus dem auf einem *EcoRI*-Fragment im Vektor pBM21 (Möckel et al. 1994, Molecular Microbiology 13: 833-842) vorliegenden *ilvA*-Gen ein internes 241 bp *BglII*-Fragment entfernt. Hierzu wurde der Vektor mit *BglII* geschnitten und, nach Abtrennung des *ilvA* internen *BglII*-Fragmentes mittels Agarosegelelektrophorese, religiert. Anschließend wurde aus dem Vektor das unvollständige Gen als *EcoRI*-Fragment isoliert und in den mit *EcoRI* linearisierten Vektor pK19mobsacB (Schäfer 1994, Gene 145: 69-73) ligiert. Der erhaltene Inaktivierungsvektor pK19mobsacB Δ *ilvA* wurde durch Transformation in den *E. coli* Stamm S 17-1 eingebracht (Hanahan 1983, Journal of Molecular Biology 166: 557-580) und per Konjugation nach *C. glutamicum* ATCC13032 transferiert (Schäfer et al. 1990, Journal of Bacteriology 172: 1663-1666). Es wurden Kanamycin-resistente Klone von *C. glutamicum* erhalten, bei denen der Inaktivierungsvektor im Genom integriert vorlag. Um auf die Excision des Vektors zu selektionieren, wurden Kanamycin-resistente Klone auf Saccharose-haltigem LB-Medium ((Sambrook et al., Molecular cloning. A laboratory manual (1989) Cold Spring Harbour Laboratory Press)) mit 15 g/l Agar, 2% Glucose/10% Saccharose) ausplattiert und Kolonien erhalten, welche den Vektor durch ein zweites Rekombinationsereignis wieder verloren haben (Jäger et al. 1992, Journal of Bacteriology 174: 5462-5465). Durch Überimpfen auf Minimalmediumplatten (Medium CGXII mit 15 g/l Agar (Keilhauer et al., Journal of Bacteriology 175 (1993) 5595-5603)) mit und ohne 2 mM L-Isoleucin, bzw. mit und ohne 50 µg/ml Kanamycin wurden 36 Klone isoliert, welche durch die Excision des Vektors Kanamycin sensitiv und Isoleucin auxotroph waren und bei denen nun das unvollständige *ilvA* Gen (Δ *ilvA*-Allel) im Genom vorlag. Einer dieser Klone wurde als Stamm ATCC13032 Δ *ilvA* bezeichnet und weiter verwendet.

Beispiel 4

40

Expression der Gene *ilvBN*, *ilvC* und *ilvD* in *C. glutamicum*

[0040] Die Gene der Acetohydroxysäuresynthase (*ilvBN*) und der Isomeroxydase (*ilvC*) (Cordes et al. 1992, Gene 112: 113-116 und Keilhauer et al. 1993, Journal of Bacteriology 175: 5595-5603) und der Dihydroxysäuredehydratase (*ilvD*) (Beispiel 2) wurden zur Expression in den Vektor pECM3 kloniert. Der Vektor pECM3 ist ein Derivat von pECM2 (Jäger et al. 1992, Journal of Bacteriology 174: 5462-5465), das durch Deletion des ca. 1 kbp langen *BamHI/BglII* DNA-Fragmentes entstand, welches das Kanamycinresistenzgen trägt.

[0041] In dem Vektor pKK5 (Cordes et al. 1992, Gene 112: 113-116) lagen die Gene *ilvBNC* bereits im Vektor pJC1 (Cremer et al. 1990, Molecular and General Genetics 220: 478-480) kloniert vor. Aus diesem wurde ein 5,7 kb *XbaI*-*ilvBNC*-Fragment isoliert und zusammen mit einem, das *ilvD*-Gen enthaltende, 3,1 kb-*XbaI* Fragment des Vektors pRV in den mit *XbaI* linearisierten Vektor pECM3 eingebracht. Der Ligationsansatz wurde hierbei in den *E. coli* Stamm DH5 α mc^r transformiert. Aus einer Transformante vom Typ DH5 α mc^r/pECM3*ilvBNCD* wurde das Plasmid pECM3*ilvBNCD* (Abbildung 3) erhalten.

[0042] Mittels Elektroporation (Haynes 1989, FEMS Microbiology Letters 61: 329-334) und Selektion auf Chloramphenicolresistenz wurde das Plasmid pECM3*ilvBNCD* in den Stamm ATCC13032 Δ *ilvA* eingebracht und der Stamm ATCC13032 Δ *ilvA*/pECM3*ilvBNCD* erhalten. Weiterhin wurde mittels Elektroporation (Haynes 1989, FEMS Microbiology Letters 61: 329-334) und Selektion auf Kanamycinresistenz das Plasmid pEKEx2panBC in den Stamm ATCC13032 und in den Stamm ATCC13032 Δ *ilvA* eingebracht und die Stämme ATCC13032/pEKEx2panBC und

ATCC13032 Δ ilvA/pEKEx2panBC erhalten. In den Stamm ATCC13032 Δ ilvA/pECM3ilvBNCD wurden mittels Elektroporation (Haynes 1989, FEMS Microbiology Letters 61: 329-334) und Selektion auf Kanamycin und Chloramphenicol die Plasmide pEKEx2panBC und pEKEX2 eingebracht. Auf diese Weise entstanden die Stämme ATCC13032 Δ ilvA/pECM3ilvBNCD pEKEX2 und ATCC13032 Δ ilvA/pECM3ilvBNCD pEKEx2panBC.

5

Beispiel 5

Konstruktion einer Pantothen säure bedürftigen panC-Mutante von *C. glutamicum*

10 [0043] Es wurde mit Hilfe des Inaktivierungsvektors pK18mob (Schäfer et al. 1994, Gene 145: 69-73) eine *C. glutamicum* R127 panC Mutante erzeugt.

[0044] Zur Konstruktion des panC-Inaktivierungsvektors wurde zunächst ein 168 bp großes, zentrales Fragment des panC-Gens (Nukleotid 265-432 des 837 bp umfassenden Gens) von *C. glutamicum* mittels der Polymersasekettenreaktion (PCR) amplifiziert. Als Matrize diente hier der Vektor pUR1 (s. Beispiel 6); als Primer wurden die beiden
15 20mere Primer 1 und Primer 2 eingesetzt: Primer 1 5' GTTCGCACCCGATGTGGAGG 3', Primer 2 5' ATGCACGAT-CAGGGCGCACC 3'. Die PCR wurde nach Sambrook et al. (Molecular cloning. A laboratory manual (1989) Cold Spring Harbour Laboratory Press) mit einer Annealingtemperatur von 55°C durchgeführt. Das erhaltene Fragment wurde nach Zwischenklonierung in die SmaI Schnittstelle des Vektors pUC18, als EcoRI/SaI Fragment gerichtet in den Inaktivierungsvektor pK18mob (Schäfer et al. 1994, Gene 145: 69-73) ligiert. Der so erhaltene Vektor pK18mob'panC' wurde
20 zur Transformation des *E. coli*-Stammes S 17-1 benutzt und nachfolgend per Konjugation in *C. glutamicum* R127 eingebracht. Durch Selektion auf Kanamycinresistenz wurden so Klone von *C. glutamicum* R127 erhalten, bei denen der Integrationsvektor durch ein homologes Rekombinationsereignis ins panC-Gen integriert ist. Der so erhaltene Stamm R12YpanC::pK18mob'panC' ist zur D-Pantothenatbestimmung geeignet.

25

Beispiel 6

Quantitative Bestimmung von D-Pantothenat

[0045] Zur quantitativen Bestimmung von D-Pantothenat wurde die *C. glutamicum* panC Mutante R127panC::pK18mob'panC' konstruiert (siehe Beispiel 5), deren Wachstum direkt von der D-Pantothenat Konzentration des Mediums abhängig ist. Dieser Stamm ist Pantothen säure auxotroph und zeigt bei Supplementation mit β -Alanin und D-Pantoat kein Wachstum.

[0046] Zur Bestimmung von Pantothenat mit diesem Indikatorstamm wurde CGXII-Medium (Keilhauer et al., Journal of Bacteriology (1993) 175: 5595-5603) als Testmedium eingesetzt. Dazu wurden je 3 ml 4/3 fach konzentriertes
35 CGXII-Medium in einem Inkubationsröhrchen (Falcon 2057, Becton and Dickinson, New Jersey, USA) mit 1 ml Pantothen säure-haltiger, steriler Eich- oder Probelösung versetzt und mit dem Indikatorstamm inokuliert. Als Inokulum wurden jeweils 60 μ l einer Glyzerinkultur des Indikatorstammes eingesetzt. Nach 40 stündiger Inkubation bei 30°C wurde die Zelldichte (OD_{600}) (Novaspec 4049 Spectrophotometer, LKB Biochrom, Cambridge, GB) der Testansätze bestimmt und mittels einer Eichkurve die Pantothen säurekonzentration ermittelt. Der Stamm weist bis zu einer Konzentration von
40 25 μ g/l eine lineare Abhängigkeit des Wachstums von der Pantothenatkonzentration auf, bei einer optischen Dichte von 0,5 bis 10. Zur Herstellung der Glyzerinkultur des Indikatorstammes wurde dieser Stamm auf unsupplementiertem CGXII-Medium 24 Stunden inkubiert (Aushungerung an D-Pantothenat). 1050 μ l der Kultur wurden anschließend mit 700 μ l Glyzerin versetzt. Von dieser bei -70°C zwischengefrorenen Glyzerinkultur wurden 60 μ l zu Bestimmung von D-Pantothenat, wie zuvor beschrieben benutzt. Als Referenz wurde Na-Pantothenat verwendet, das von der Firma Sigma
45 (Deisenhofen, Deutschland) bezogen wurde.

Beispiel 7

Produktion von D-Pantothenat mit verschiedenen *C. glutamicum* Stämmen

50

[0047] Zur Untersuchung ihrer Pantothenatbildung wurden die Stämme ATCC13032, ATCC13032/pEKEx2panBC, ATCC13032 Δ ilvA und ATCC13032 Δ ilvA/pEKEx2panBC in 60 ml Brain Heart Infusion-Medium (Difco Laboratories, Detroit, USA) für 14 Stunden bei 30°C vorkultiviert. Anschließend wurden die Zellen zweimal mit 0,9% NaCl-Lösung (w/v) gewaschen und mit dieser Suspension je 60 ml CgXII-Medium so angeimpft, daß die OD_{600} von 0,5 betrug. Das
55 Medium war identisch mit dem bei Keilhauer et al., (Journal of Bacteriology (1993) 175: 5595-5603) beschriebenen Medium, enthielt aber zusätzlich 2 mM L-Isoleucin. Das von Keilhauer et al. beschriebene Medium CgXII ist in Tabelle 2 dargestellt.

Tabelle 2

Zusammensetzung des Mediums CGXII	
Komponente	Konzentration
(NH ₄) ₂ SO ₄	20 g/L
Harnstoff	5 g/L
KH ₂ PO ₄	1 g/L
K ₂ HPO ₄	1 g/L
Mg ₂ O ₄ *7 H ₂ O	0,25 g/L
3-Morpholinopropansulfon- säure	42 g/L
CaCl ₂	10 mg/L
FeSO ₄ *7 H ₂ O	10 mg/L
MnSO ₄ * H ₂ O	10 mg/L
ZnSO ₄ *7 H ₂ O	1 mg/L
CuSO ₄	0,2 mg/L
NiCl ₂ *6 H ₂ O	0,02 mg/L
Biotin (pH7)	0,2 mg/L
Glukose	40 g/L
Protokatechusäure	0,03 mg/L

[0048] Bei der Kultivierung der Stämme ATCC13032/pEKEx2panBC und Stammes ATCC13032ΔilvA/pEKEx2panBC wurde das Medium nach 5 Stunden zusätzlich mit 1 mM Isopropylthio-β-D-galactosid versetzt. Nach 24 stündiger Kultivierung wurden Proben genommen, die Zellen abzentrifugiert und der Überstand sterilfiltriert. Die Pantothenatkonzentration des Überstands wurde mit Hilfe des im Beispiel 6 beschriebenen Pantothenat-tests bestimmt. Die Ergebnisse sind in Tabelle 3 dargestellt.

Tabelle 3

D-Pantothenatbildung in verschiedenen C. glutamicum Stämmen	
Stamm	D-Pantothenat (mg/l)
ATCC13032	0,01
ATCC13032/pEKEx2panBC	0,03
ATCC13032ΔilvA	0,06
ATCC13032ΔilvA/pEKEx2panBC	0,3

Beispiel 9

Produktion von D-Pantothenat mit verschiedenen C. glutamicum Stämmen bei β-Alanin Zugabe

[0049] Zur Quantifizierung der Pantothenatbildung wurden die Stämme ATCC13032ΔilvA/pECM3ilvBNCD pEKEx2 und ATCC13032ΔilvA/pECM3ilvBNCD pEKEx2panBC in 60 ml Brain Heart Infusion-Medium(Difco Laboratories, Detroit, USA) mit 25 mg/l Kanamycin und 3 mg/l Chloramphenicol für 14 Stunden bei 30°C vorkultiviert, zweimal mit 0,9% NaCl-Lösung (w/v) gewaschen und mit dieser Suspension je 60 ml CgXII-Medium so angeimpft, daß die OD₆₀₀ 0,5 betrug. Das Medium enthielt hierbei 2 mM L-Isoleucin, 25 mg/l Kanamycin, 3 mg/l Chloramphenicol und β-Alanin in

EP 1 006 189 A2

einer Endkonzentration von 20 mM. Nach 5 stündiger Kultivierung wurde dem Medium jeweils IPTG (Isopropylthio-β-D-galactosid) in einer Endkonzentration von 1 mM zugefügt. Nach 49 und 74 Stunden wurde eine Probe entnommen, die Zellen wurden abzentrifugiert und der Überstand sterilfiltriert. Die Pantothenatkonzentration des Überstands wurde wie in Beispiel 6 beschrieben bestimmt. Die Ergebnisse sind in Tabelle 4 dargestellt.

Tabelle 4

D-Pantothenatakkumulation in verschiedenen Stämmen von <i>C. glutamicum</i>		
Stamm	D-Pantothenat [mg/l] nach einer Inkubationszeit von	
	49 Stunden	74 Stunden
ATCC13032ΔilvA/pECM3ilvBNCD pEKEx2	80	100
ATCC13032ΔilvA/pECM3ilvBNCD pEKEx2panBC	920	980

SEQUENZPROTOKOLL

5 (1) ALLGEMEINE ANGABEN:

(i) ANMELDER:

- 10 (A) NAME: Degussa Aktiengesellschaft
(B) STRASSE: Weissfrauenstr. 9
(C) ORT: Frankfurt am Main
(D) BUNDESLAND: Hessen
(E) LAND: Deutschland
(F) POSTLEITZAHL: D-60311

- 15 (A) NAME: Forschungszentrum Juelich GmbH
(B) STRASSE: Leo-Brandt Strasse
(C) ORT: Juelich
(D) BUNDESLAND: Nordrhein-Westfalen
(E) LAND: Deutschland
20 (F) POSTLEITZAHL: D-52425

- (ii) BEZEICHNUNG DER ERFINDUNG: Verfahren zur
fermentativen Herstellung von D-Pantothensaeure
unter Verwendung coryneformer Bakterien
25

(iii) ANZAHL DER SEQUENZEN: 5

(iv) COMPUTER-LESBARE FASSUNG:

- 30 (A) DATENTRAEGER: Floppy disk
(B) COMPUTER: IBM PC compatible
(C) BETRIEBSSYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version
#1.30 (EPA)
35

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- 40 (A) LAENGE: 2164 Basenpaare
(B) ART: Nucleotid
(C) STRANGFORM: Doppelstrang
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) ART DES MOLEKUELS: Genom-DNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

50 (vi) URSPRUENGLICHE HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: Corynebacterium glutamicum
(B) STAMM: ATCC13032

55

(ix) MERKMAL:

(A) NAME/SCHLUESSEL: CDS
 (B) LAGE: 351..1163
 (D) SONSTIGE ANGABEN: /codon_start= 351
 /EC_number= 4.1.2.12
 /product=
 "Ketopantoathydroxymethyltransferase"
 /gene= "panB"

(ix) MERKMAL:

(A) NAME/SCHLUESSEL: CDS
 (B) LAGE: 1166..2002
 (D) SONSTIGE ANGABEN: /codon_start= 1166
 /EC_number= 6.3.2.1
 /product= "Pantothenatsynthetase"
 /gene= "panC"

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

GCTTCGGGGT ACCAATTCCT TTAAGAACCA TCAGATCAAT CTGTTGTACA TTCTCGGCCA 60
 GATTCAGCTT TTCGTAAGG ACGAAACACT TTCACCTGAA TCGGCAGCAA AGTTTCTTAA 120
 AGTTTCTAAG GCAACTGCAA CGAGGTATTT TAGAACTCTC CGAGAAATGG AATTAGTTCA 180
 CGAGGTCAGC AAACGCCCTT TCGGGTTTGC GCTCACGGAT AAAGGTCGTG AGATAGTAGG 240
 TCTTGAGGTA AAAATTTGAC TCCATAACGA GAACTTAATC GAGCAACACC CCTGAACAGT 300
 GAATCAAATC GGAATTTATT TATTCTGAGC TGGTCATCAC ATCTATACTC ATG CCC 356
 Met Pro
 1
 ATG TCA GGC ATT GAT GCA AAG AAA ATC CGC ACC CGT CAT TTC CGC GAA 404
 Met Ser Gly Ile Asp Ala Lys Lys Ile Arg Thr Arg His Phe Arg Glu
 5 10 15
 GCT AAA GTA AAC GGC CAG AAA GTT TCG GTT CTC ACC AGC TAT GAT GCG 452
 Ala Lys Val Asn Gly Gln Lys Val Ser Val Leu Thr Ser Tyr Asp Ala
 20 25 30
 CTT TCG GCG CGC ATT TTT GAT GAG GCT GGC GTC GAT ATG CTC CTT GTT 500
 Leu Ser Ala Arg Ile Phe Asp Glu Ala Gly Val Asp Met Leu Leu Val
 35 40 45 50
 GGT GAT TCC GCT GCC AAC GTT GTG CTG GGT CGC GAT ACC ACC TTG TCG 548
 Gly Asp Ser Ala Ala Asn Val Val Leu Gly Arg Asp Thr Thr Leu Ser
 55 60 65
 ATC ACC TTG GAT GAG ATG ATT GTG CTG GCC AAG GCG GTG ACG ATC GCT 596
 Ile Thr Leu Asp Glu Met Ile Val Leu Ala Lys Ala Val Thr Ile Ala
 70 75 80
 ACG AAG CGT GCG CTT GTG GTG GTT GAT CTG CCG TTT GGT ACC TAT GAG 644
 Thr Lys Arg Ala Leu Val Val Val Asp Leu Pro Phe Gly Thr Tyr Glu
 85 90 95
 GTG AGC CCA AAT CAG GCG GTG GAG TCC GCG ATC CGG GTC ATG CGT GAA 692
 Val Ser Pro Asn Gln Ala Val Glu Ser Ala Ile Arg Val Met Arg Glu
 100 105 110
 ACG GGT GCG GCT GCG GTG AAG ATC GAG GGT GGC GTG GAG ATC GCG CAG 740

EP 1 006 189 A2

	Thr	Gly	Ala	Ala	Ala	Val	Lys	Ile	Glu	Gly	Gly	Val	Glu	Ile	Ala	Gln	
	115					120					125					130	
5	ACG	ATT	CGA	CGC	ATT	GTT	GAT	GCT	GGA	ATT	CCG	GTT	GTC	GGC	CAC	ATC	788
	Thr	Ile	Arg	Arg	Ile	Val	Asp	Ala	Gly	Ile	Pro	Val	Val	Gly	His	Ile	
					135					140					145		
	GGG	TAC	ACC	CCG	CAG	TCC	GAG	CAT	TCC	TTG	GGC	GGC	CAC	GTG	GTT	CAG	836
	Gly	Tyr	Thr	Pro	Gln	Ser	Glu	His	Ser	Leu	Gly	Gly	His	Val	Val	Gln	
10				150					155					160			
	GGT	CGT	GGC	GCG	AGT	TCT	GGA	AAG	CTC	ATC	GCC	GAT	GCC	CGC	GCG	TTG	884
	Gly	Arg	Gly	Ala	Ser	Ser	Gly	Lys	Leu	Ile	Ala	Asp	Ala	Arg	Ala	Leu	
			165					170					175				
	GAG	CAG	GCG	GGT	GCG	TTT	GCG	GTT	GTG	TTG	GAG	ATG	GTT	CCA	GCA	GAG	932
15	Glu	Gln	Ala	Gly	Ala	Phe	Ala	Val	Val	Leu	Glu	Met	Val	Pro	Ala	Glu	
		180					185					190					
	GCA	GCG	CGC	GAG	GTT	ACC	GAG	GAT	CTT	TCC	ATC	ACC	ACT	ATC	GGA	ATC	980
	Ala	Ala	Arg	Glu	Val	Thr	Glu	Asp	Leu	Ser	Ile	Thr	Thr	Ile	Gly	Ile	
	195					200					205					210	
20	GGT	GCC	GGC	AAT	GGC	ACA	GAT	GGG	CAG	GTT	TTG	GTG	TGG	CAG	GAT	GCC	1028
	Gly	Ala	Gly	Asn	Gly	Thr	Asp	Gly	Gln	Val	Leu	Val	Trp	Gln	Asp	Ala	
				215					220						225		
	TTC	GGC	CTC	AAC	CGC	GGC	AAG	AAG	CCA	CGC	TTC	GTC	CGC	GAG	TAC	GCC	1076
	Phe	Gly	Leu	Asn	Arg	Gly	Lys	Lys	Pro	Arg	Phe	Val	Arg	Glu	Tyr	Ala	
25				230							235					240	
	ACC	TTG	GGC	GAT	TCC	TTG	CAC	GAC	GCC	GCG	CAG	GCC	TAC	ATC	GCC	GAT	1124
	Thr	Leu	Gly	Asp	Ser	Leu	His	Asp	Ala	Ala	Gln	Ala	Tyr	Ile	Ala	Asp	
			245					250					255				
30	ATC	CAC	GCG	GGT	ACC	TTC	CCA	GGC	GAA	GCG	GAG	TCC	TTT	TA	ATG	CAG	1171
	Ile	His	Ala	Gly	Thr	Phe	Pro	Gly	Glu	Ala	Glu	Ser	Phe		Met	Gln	
		260					265					270			1		
	GTA	GCA	ACC	ACA	AAG	CAG	GCG	CTT	ATC	GAC	GCC	CTC	CTC	CAC	CAC	AAA	1219
	Val	Ala	Thr	Thr	Lys	Gln	Ala	Leu	Ile	Asp	Ala	Leu	Leu	His	His	Lys	
35			5					10					15				
	TCC	GTC	GGG	CTC	GTC	CCC	ACC	ATG	GGT	GCG	CTA	CAC	AGC	GGA	CAC	GCC	1267
	Ser	Val	Gly	Leu	Val	Pro	Thr	Met	Gly	Ala	Leu	His	Ser	Gly	His	Ala	
		20					25					30					
	TCG	TTG	GTT	AAA	GCA	GCA	CGC	GCT	GAA	AAC	GAC	ACT	GTT	GTA	GCC	AGT	1315
40	Ser	Leu	Val	Lys	Ala	Ala	Arg	Ala	Glu	Asn	Asp	Thr	Val	Val	Ala	Ser	
		35				40					45					50	
	ATT	TTT	GTC	AAT	CCC	CTG	CAG	TTT	GAA	GCA	CTC	GGT	GAT	TGC	GAT	GAT	1363
	Ile	Phe	Val	Asn	Pro	Leu	Gln	Phe	Glu	Ala	Leu	Gly	Asp	Cys	Asp	Asp	
				55						60					65		
45	TAC	CGC	AAC	TAT	CCC	CGC	CAA	CTC	GAC	GCC	GAT	TTA	GCA	CTG	CTT	GAA	1411
	Tyr	Arg	Asn	Tyr	Pro	Arg	Gln	Leu	Asp	Ala	Asp	Leu	Ala	Leu	Leu	Glu	
				70					75					80			
	GAG	GCA	GGT	GTG	GAT	ATT	GTG	TTC	GCA	CCC	GAT	GTG	GAG	GAA	ATG	TAC	1459
	Glu	Ala	Gly	Val	Asp	Ile	Val	Phe	Ala	Pro	Asp	Val	Glu	Glu	Met	Tyr	
50			85					90					95				
	CCC	GGT	GGC	TTG	CCA	CTA	GTG	TGG	GCG	CGC	ACC	GGT	TCC	ATC	GGA	ACA	1507
	Pro	Gly	Gly	Leu	Pro	Leu	Val	Trp	Ala	Arg	Thr	Gly	Ser	Ile	Gly	Thr	
		100					105						110				
55																	

EP 1 006 189 A2

5 AAA TTG GAG GGT GCC AGC AGG CCT GGC CAT TTC GAT GGT GTG GCT ACC 1555
Lys Leu Glu Gly Ala Ser Arg Pro Gly His Phe Asp Gly Val Ala Thr
115 120 125 130

5 GTG GTG GCG AAG CTG TTC AAT TTG GTG CGC CCT GAT CGT GCA TAT TTT 1603
Val Val Ala Lys Leu Phe Asn Leu Val Arg Pro Asp Arg Ala Tyr Phe
135 140 145

10 GGA CAA AAA GAT GCT CAG CAG GTT GCG GTG ATT CGG CGA TTG GTT GCC 1651
Gly Gln Lys Asp Ala Gln Gln Val Ala Val Ile Arg Arg Leu Val Ala
150 155 160

10 GAT CTA GAC ATT CCC GTG GAG ATT CGT CCC GTT CCG ATT ATT CGT GGC 1699
Asp Leu Asp Ile Pro Val Glu Ile Arg Pro Val Pro Ile Ile Arg Gly
165 170 175

15 GCC GAT GGC TTA GCC GAA TCC AGC CGC AAT CAA CGT CTT TCT GCG GAT 1747
Ala Asp Gly Leu Ala Glu Ser Ser Arg Asn Gln Arg Leu Ser Ala Asp
180 185 190

20 CAG CGA GCG CAA GCT CTG GTG CTG CCG CAG GTG TTG AGT GGG TTG CAG 1795
Gln Arg Ala Gln Ala Leu Val Leu Pro Gln Val Leu Ser Gly Leu Gln
195 200 205 210

20 CGT CGA AAA GCA GCT GGT GAA GCG CTA GAT ATC CAA GGT GCG CGC GAC 1843
Arg Arg Lys Ala Ala Gly Glu Ala Leu Asp Ile Gln Gly Ala Arg Asp
215 220 225

25 ACC TTG GCC AGC GCC GAC GGC GTG CGC TTG GAT CAC CTG GAA ATT GTC 1891
Thr Leu Ala Ser Ala Asp Gly Val Arg Leu Asp His Leu Glu Ile Val
230 235 240

25 GAT CCA GCC ACC CTC GAA CCA TTA GAA ATC GAC GGC CTG CTC ACC CAA 1939
Asp Pro Ala Thr Leu Glu Pro Leu Glu Ile Asp Gly Leu Leu Thr Gln
245 250 255

30 CCA GCG TTG GTG GTC GGC GCG ATT TTC GTG GGG CCG GTG CGG TTG ATC 1987
Pro Ala Leu Val Val Gly Ala Ile Phe Val Gly Pro Val Arg Leu Ile
260 265 270

GAC AAT ATC GAG CTC TAGTACCAAC CCTGCGTTGC AGCAGCGCAGC TTCGCATAAC 2042
Asp Asn Ile Glu Leu
275

35 GCGTGCTCAG CTCAGTGTTT TTAGGTGCGC GGTGCGGATC GGAACCGGGA GTTGGCCACT 2102

GCGGTGGCGT GGCCTCACCC GACAGCGCCC ATGCCGCTG ACGAGCTGCA CCCAACGCCA 2162

CA 2164

40 (2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:
(A) LAENGE: 271 Aminosaeuren
(B) ART: Aminosaeure
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) ART DES MOLEKUELS: Protein
(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

Met Pro Met Ser Gly Ile Asp Ala Lys Lys Ile Arg Thr Arg His Phe
1 5 10 15

50 Arg Glu Ala Lys Val Asn Gly Gln Lys Val Ser Val Leu Thr Ser Tyr
20 25 30

Asp Ala Leu Ser Ala Arg Ile Phe Asp Glu Ala Gly Val Asp Met Leu

55

EP 1 006 189 A2

35 40 45
 5 Leu Val Gly Asp Ser Ala Ala Asn Val Val Leu Gly Arg Asp Thr Thr
 50 55 60
 Leu Ser Ile Thr Leu Asp Glu Met Ile Val Leu Ala Lys Ala Val Thr
 65 70 75 80
 Ile Ala Thr Lys Arg Ala Leu Val Val Val Asp Leu Pro Phe Gly Thr
 85 90 95
 10 Tyr Glu Val Ser Pro Asn Gln Ala Val Glu Ser Ala Ile Arg Val Met
 100 105 110
 Arg Glu Thr Gly Ala Ala Ala Val Lys Ile Glu Gly Gly Val Glu Ile
 115 120 125
 15 Ala Gln Thr Ile Arg Arg Ile Val Asp Ala Gly Ile Pro Val Val Gly
 130 135 140
 His Ile Gly Tyr Thr Pro Gln Ser Glu His Ser Leu Gly Gly His Val
 145 150 155 160
 20 Val Gln Gly Arg Gly Ala Ser Ser Gly Lys Leu Ile Ala Asp Ala Arg
 165 170 175
 Ala Leu Glu Gln Ala Gly Ala Phe Ala Val Val Leu Glu Met Val Pro
 180 185 190
 25 Ala Glu Ala Ala Arg Glu Val Thr Glu Asp Leu Ser Ile Thr Thr Ile
 195 200 205
 Gly Ile Gly Ala Gly Asn Gly Thr Asp Gly Gln Val Leu Val Trp Gln
 210 215 220
 Asp Ala Phe Gly Leu Asn Arg Gly Lys Lys Pro Arg Phe Val Arg Glu
 225 230 235 240
 30 Tyr Ala Thr Leu Gly Asp Ser Leu His Asp Ala Ala Gln Ala Tyr Ile
 245 250 255
 Ala Asp Ile His Ala Gly Thr Phe Pro Gly Glu Ala Glu Ser Phe
 260 265 270

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LAENGE: 279 Aminosaeuren

(B) ART: Aminosaeure

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKUELS: Protein

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

Met Gln Val Ala Thr Thr Lys Gln Ala Leu Ile Asp Ala Leu Leu His
 1 5 10 15
 45 His Lys Ser Val Gly Leu Val Pro Thr Met Gly Ala Leu His Ser Gly
 20 25 30
 His Ala Ser Leu Val Lys Ala Ala Arg Ala Glu Asn Asp Thr Val Val
 35 40 45
 50 Ala Ser Ile Phe Val Asn Pro Leu Gln Phe Glu Ala Leu Gly Asp Cys
 50 55 60
 Asp Asp Tyr Arg Asn Tyr Pro Arg Gln Leu Asp Ala Asp Leu Ala Leu

EP 1 006 189 A2

65 70 75 80
 5 Leu Glu Glu Ala Gly Val Asp Ile Val Phe Ala Pro Asp Val Glu Glu
 85 90 95
 Met Tyr Pro Gly Gly Leu Pro Leu Val Trp Ala Arg Thr Gly Ser Ile
 100 105 110
 Gly Thr Lys Leu Glu Gly Ala Ser Arg Pro Gly His Phe Asp Gly Val
 115 120 125
 10 Ala Thr Val Val Ala Lys Leu Phe Asn Leu Val Arg Pro Asp Arg Ala
 130 135 140
 Tyr Phe Gly Gln Lys Asp Ala Gln Gln Val Ala Val Ile Arg Arg Leu
 145 150 155 160
 15 Val Ala Asp Leu Asp Ile Pro Val Glu Ile Arg Pro Val Pro Ile Ile
 165 170 175
 Arg Gly Ala Asp Gly Leu Ala Glu Ser Ser Arg Asn Gln Arg Leu Ser
 180 185 190
 20 Ala Asp Gln Arg Ala Gln Ala Leu Val Leu Pro Gln Val Leu Ser Gly
 195 200 205
 Leu Gln Arg Arg Lys Ala Ala Gly Glu Ala Leu Asp Ile Gln Gly Ala
 210 215 220
 25 Arg Asp Thr Leu Ala Ser Ala Asp Gly Val Arg Leu Asp His Leu Glu
 225 230 235 240
 Ile Val Asp Pro Ala Thr Leu Glu Pro Leu Glu Ile Asp Gly Leu Leu
 245 250 255
 Thr Gln Pro Ala Leu Val Val Gly Ala Ile Phe Val Gly Pro Val Arg
 260 265 270
 30 Leu Ile Asp Asn Ile Glu Leu
 275

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 4:

- 35 (i) SEQUENZKENNZEICHEN:
 (A) LAENGE: 2952 Basenpaare
 (B) ART: Nucleotid
 (C) STRANGFORM: Doppelstrang
 (D) TOPOLOGIE: linear
 40 (ii) ART DES MOLEKUELS: Genom-DNA
 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 (iv) ANTISENSE: NEIN
 45 (vi) URSPRUENGLICHE HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: Corynebacterium glutamicum
 (B) STAMM: ATCC13032
 (C) INDIVIDUUM/ISOLAT: MUTANTE R127
 50 (ix) MERKMAL:
 (A) NAME/SCHLUESSEL: CDS
 (B) LAGE: 290..2125
 (D) SONSTIGE ANGABEN: /codon_start= 290
 /EC_number= 4.2.1.9
 /product= "Dihydroxysaeuredehydratase"
 /gene= "ilvD"
 55

EP 1 006 189 A2

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

5	AGTACTTGGA GCGCCAAAAG GCACTGGGCA AGCCAGTTCA GTTGAAC TTC GATGACGACA	60
	CCGATGGGAA TACAACACAA ACAGAAAGCG TTGAATCCCA AGAGACCGGA CAAGCCGCGT	120
	CTGAAACCTC ACATCGTGAT AACCTGCGT CACAGCACTA GAGTGTAATA AGCCGTCCGA	180
	ACCAAAGGTC CACACCTCTG CACGAGTAGA AGCTCACCCA AGTTTTCAAA GTGCCGTTGA	240
10	TTCTTGACAA CCACCCGCCG CTCTTTAGAG CAGATTTGAA AAGCGCATC ATG ATC	295
	Met Ile	
	280	
	CCA CTT CGT TCA AAA GTC ACC ACC GTC GGT CGC AAT GCA GCT GGC GCT	343
15	Pro Leu Arg Ser Lys Val Thr Thr Val Gly Arg Asn Ala Ala Gly Ala	
	285 290 295	
	CGC GCC CTT TGG CGT GCC ACC GGC ACC AAG GAA AAT GAG TTC GGC AAG	391
	Arg Ala Leu Trp Arg Ala Thr Gly Thr Lys Glu Asn Glu Phe Gly Lys	
	300 305 310	
20	CCA ATT GTT GCC ATC GTA AAC TCC TAC ACC CAG TTC GTG CCC GGA CAC	439
	Pro Ile Val Ala Ile Val Asn Ser Tyr Thr Gln Phe Val Pro Gly His	
	315 320 325	
	GTT CAC CTT AAG AAC GTC GGC GAT ATT GTG GCA GAT GCA GTG CGC AAA	487
	Val His Leu Lys Asn Val Gly Asp Ile Val Ala Asp Ala Val Arg Lys	
	330 335 340 345	
25	GCC GGT GGC GTT CCA AAG GAA TTC AAC ACC ATC GTC GAT GAC GGC ATC	535
	Ala Gly Gly Val Pro Lys Glu Phe Asn Thr Ile Val Asp Asp Gly Ile	
	350 355 360	
	GCC ATG GGA CAC GGC GGC ATG CTG TAC TCC CTG CCA TCC CGT GAA ATC	583
30	Ala Met Gly His Gly Gly Met Leu Tyr Ser Leu Pro Ser Arg Glu Ile	
	365 370 375	
	ATC GCC GAC TCC GTC GAA TAC ATG GTC AAC GCA CAC ACC GCC GAC GCC	631
	Ile Ala Asp Ser Val Glu Tyr Met Val Asn Ala His Thr Ala Asp Ala	
	380 385 390	
35	ATG GTG TGT ATC TCC AAC TGT GAC AAG ATC ACC CCA GGC ATG CTC AAC	679
	Met Val Cys Ile Ser Asn Cys Asp Lys Ile Thr Pro Gly Met Leu Asn	
	395 400 405	
	GCA GCA ATG CGC CTG AAC ATC CCA GTG GTC TTC GTT TCC GGT GGC CCA	727
	Ala Ala Met Arg Leu Asn Ile Pro Val Val Phe Val Ser Gly Gly Pro	
	410 415 420 425	
40	ATG GAA GCT GGC AAG GCT GTC GTC GTT GAG CGC GTT GCA CAC GCA CCA	775
	Met Glu Ala Gly Lys Ala Val Val Val Glu Arg Val Ala His Ala Pro	
	430 435 440	
	ACC GAC CTC ATC ACC GCG ATC TCC GCA TCC GCA AGC GAT GCA GTC GAC	823
45	Thr Asp Leu Ile Thr Ala Ile Ser Ala Ser Ala Ser Asp Ala Val Asp	
	445 450 455	
	GAC GCA GGC CTT GCA GCC GTT GAA CGA TCC GCA TGC CCA ACC TGT GGC	871
	Asp Ala Gly Leu Ala Ala Val Glu Arg Ser Ala Cys Pro Thr Cys Gly	
	460 465 470	
50	TCC TGC TCC GGT ATG TTC ACC GCG AAC TCC ATG AAC TGC CTC ACC GAA	919
	Ser Cys Ser Gly Met Phe Thr Ala Asn Ser Met Asn Cys Leu Thr Glu	
	475 480 485	
	GCT CTG GGA CTT TCT CTC CCG GGC AAC GGC TCC ACT CTG GCA ACC CAC	967

55

EP 1 006 189 A2

	Ala Leu Gly Leu Ser Leu Pro Gly Asn Gly Ser Thr Leu Ala Thr His	
	490 495 500 505	
5	GCA GCA CGT CGC GCA CTG TTT GAA AAG GCC GGC GAA ACC GTC GTT GAA Ala Ala Arg Arg Ala Leu Phe Glu Lys Ala Gly Glu Thr Val Val Glu	1015
	510 515 520	
	CTG TGC CGC CGC TAC TAC GGT GAA GAA GAC GAA TCC GTT CTG CCA CGT Leu Cys Arg Arg Tyr Tyr Gly Glu Glu Asp Glu Ser Val Leu Pro Arg	1063
	525 530 535	
10	GGC ATT GCC ACC AAG AAG GCA TTC GAA AAC GCA ATG GCA CTG GAT ATG Gly Ile Ala Thr Lys Lys Ala Phe Glu Asn Ala Met Ala Leu Asp Met	1111
	540 545 550	
	GCC ATG GGT GGA TCC ACC AAC ACC ATC CTC CAC ATC CTC GCA GCT GCC Ala Met Gly Gly Ser Thr Asn Thr Ile Leu His Ile Leu Ala Ala Ala	1159
15	555 560 565	
	CAG GAA GGC GAA GTT GAC TTC GAC CTC GCA GAC ATC GAC GAA CTG TCC Gln Glu Gly Glu Val Asp Phe Asp Leu Ala Asp Ile Asp Glu Leu Ser	1207
	570 575 580 585	
20	AAA AAC GTC CCC TGC CTG TCC AAG GTT GCA CCA AAC TCC GAC TAC CAC Lys Asn Val Pro Cys Leu Ser Lys Val Ala Pro Asn Ser Asp Tyr His	1255
	590 595 600	
	ATG GAA GAC GTC CAC CGC GCC GGT CGC ATT CCA GCA CTG CTC GGC GAG Met Glu Asp Val His Arg Ala Gly Arg Ile Pro Ala Leu Leu Gly Glu	1303
	605 610 615	
25	CTC AAC CGC GGT GGC CTG CTG AAC AAG GAC GTC CAC TCC GTT CAC TCC Leu Asn Arg Gly Gly Leu Leu Asn Lys Asp Val His Ser Val His Ser	1351
	620 625 630	
	AAC GAC CTT GAA GGT TGG TTG GAT GAC TGG GAT ATC CGC TCT GGC AAG Asn Asp Leu Glu Gly Trp Leu Asp Asp Trp Asp Ile Arg Ser Gly Lys	1399
30	635 640 645	
	ACC ACC GAA GTA GCA ACC GAA CTC TTC CAC GCA GCC CCA GGT GGC ATC Thr Thr Glu Val Ala Thr Glu Leu Phe His Ala Ala Pro Gly Gly Ile	1447
	650 655 660 665	
35	CGC ACC ACC GAA GCA TTC TCC ACC GAG AAC CGC TGG GAC GAA CTC GAC Arg Thr Thr Glu Ala Phe Ser Thr Glu Asn Arg Trp Asp Glu Leu Asp	1495
	670 675 680	
	ACC GAC GCT GCC AAG GGC TGC ATC CGC GAC GTT GAA CAC GCC TAC ACC Thr Asp Ala Ala Lys Gly Cys Ile Arg Asp Val Glu His Ala Tyr Thr	1543
	685 690 695	
40	GCC GAC GGC GGC CTG GTT GTT CTT CGC GGC AAC ATC TCC CCT GAC GGC Ala Asp Gly Gly Leu Val Val Leu Arg Gly Asn Ile Ser Pro Asp Gly	1591
	700 705 710	
	GCA GTG ATC AAG TCC GCA GGT ATC GAA GAA GAG CTG TGG AAC TTC ACC Ala Val Ile Lys Ser Ala Gly Ile Glu Glu Glu Leu Trp Asn Phe Thr	1639
45	715 720 725	
	GGA CCA GCA CGA GTT GTC GAA AGC CAG GAA GAG GCA GTC TCT GTC ATC Gly Pro Ala Arg Val Val Glu Ser Gln Glu Glu Ala Val Ser Val Ile	1687
	730 735 740 745	
50	CTG ACC AAG ACC ATC CAA GCT GGC GAA GTT CTG GTC GTC CGC TAC GAA Leu Thr Lys Thr Ile Gln Ala Gly Glu Val Leu Val Val Arg Tyr Glu	1735
	750 755 760	
	GGC CCA TCA GGT GGA CCA GGC ATG CAG GAA ATG CTT CAC CCA ACC GCA	1783

55

EP 1 006 189 A2

(ii) ART DES MOLEKUELS: Protein
(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

5	Met	Ile	Pro	Leu	Arg	Ser	Lys	Val	Thr	Thr	Val	Gly	Arg	Asn	Ala	Ala	1	5	10	15
	Gly	Ala	Arg	Ala	Leu	Trp	Arg	Ala	Thr	Gly	Thr	Lys	Glu	Asn	Glu	Phe	20	25	30	
10	Gly	Lys	Pro	Ile	Val	Ala	Ile	Val	Asn	Ser	Tyr	Thr	Gln	Phe	Val	Pro	35	40	45	
	Gly	His	Val	His	Leu	Lys	Asn	Val	Gly	Asp	Ile	Val	Ala	Asp	Ala	Val	50	55	60	
15	Arg	Lys	Ala	Gly	Gly	Val	Pro	Lys	Glu	Phe	Asn	Thr	Ile	Val	Asp	Asp	65	70	75	80
	Gly	Ile	Ala	Met	Gly	His	Gly	Gly	Met	Leu	Tyr	Ser	Leu	Pro	Ser	Arg	85	90	95	
20	Glu	Ile	Ile	Ala	Asp	Ser	Val	Glu	Tyr	Met	Val	Asn	Ala	His	Thr	Ala	100	105	110	
	Asp	Ala	Met	Val	Cys	Ile	Ser	Asn	Cys	Asp	Lys	Ile	Thr	Pro	Gly	Met	115	120	125	
	Leu	Asn	Ala	Ala	Met	Arg	Leu	Asn	Ile	Pro	Val	Val	Phe	Val	Ser	Gly	130	135	140	
25	Gly	Pro	Met	Glu	Ala	Gly	Lys	Ala	Val	Val	Val	Glu	Arg	Val	Ala	His	145	150	155	160
	Ala	Pro	Thr	Asp	Leu	Ile	Thr	Ala	Ile	Ser	Ala	Ser	Ala	Ser	Asp	Ala	165	170	175	
30	Val	Asp	Asp	Ala	Gly	Leu	Ala	Ala	Val	Glu	Arg	Ser	Ala	Cys	Pro	Thr	180	185	190	
	Cys	Gly	Ser	Cys	Ser	Gly	Met	Phe	Thr	Ala	Asn	Ser	Met	Asn	Cys	Leu	195	200	205	
35	Thr	Glu	Ala	Leu	Gly	Leu	Ser	Leu	Pro	Gly	Asn	Gly	Ser	Thr	Leu	Ala	210	215	220	
	Thr	His	Ala	Ala	Arg	Arg	Ala	Leu	Phe	Glu	Lys	Ala	Gly	Glu	Thr	Val	225	230	235	240
40	Val	Glu	Leu	Cys	Arg	Arg	Tyr	Tyr	Gly	Glu	Glu	Asp	Glu	Ser	Val	Leu	245	250	255	
	Pro	Arg	Gly	Ile	Ala	Thr	Lys	Lys	Ala	Phe	Glu	Asn	Ala	Met	Ala	Leu	260	265	270	
45	Asp	Met	Ala	Met	Gly	Gly	Ser	Thr	Asn	Thr	Ile	Leu	His	Ile	Leu	Ala	275	280	285	
	Ala	Ala	Gln	Glu	Gly	Glu	Val	Asp	Phe	Asp	Leu	Ala	Asp	Ile	Asp	Glu	290	295	300	
	Leu	Ser	Lys	Asn	Val	Pro	Cys	Leu	Ser	Lys	Val	Ala	Pro	Asn	Ser	Asp	305	310	315	320
50	Tyr	His	Met	Glu	Asp	Val	His	Arg	Ala	Gly	Arg	Ile	Pro	Ala	Leu	Leu	325	330	335	
55	Gly	Glu	Leu	Asn	Arg	Gly	Gly	Leu	Leu	Asn	Lys	Asp	Val	His	Ser	Val				

Abbildung 2:
Restriktionskarte des Plasmids pEKEx2panBC.

5 Abbildung 3:
Restriktionskarte des Plasmids pECM3ilvBNCD.

Patentansprüche

1. In Mikroorganismen der Gattung *Corynebacterium* replizierbare, gegebenenfalls rekombinante DNA mit der Herkunft *Corynebacterium*, die zumindest eine der folgenden Nucleotidsequenzen enthält, ausgewählt aus der Gruppe:
 - a) codierend für das panB-Gen (Ketopantoathydroxymethyltransferase), dargestellt in der SEQ-ID-No.1,
 - b) codierend für das panC-Gen (Pantothensynthetase), dargestellt in der SEQ-ID-No.1, insbesondere das panBC-Operon und gegebenenfalls
 - 15 c) codierend für das ilvD-Gen (Dihydroxysäuredehydratase), dargestellt durch die SEQ-ID-No.4.
2. Replizierbare DNA gemäß Anspruch 1 mit:
 - 20 (i) den Nucleotidsequenzen, gezeigt in SEQ-ID-No.1, SEQ-ID-No.4,
 - (ii) mindestens einer dieser Sequenzen, die den jeweiligen Sequenzen (i) innerhalb des Bereichs der Degeneration des genetischen Codes entsprechen oder
 - 25 (iii) mindestens einer dieser Sequenzen, die mit den zu jeweiligen Sequenzen (i) oder (ii) komplementären Sequenzen hybridisieren und gegebenenfalls.
 - (iiii) funktionsneutralen Sinnmutationen in i).
- 30 3. Mikroorganismen, insbesondere der Gattung *Corynebacterium*, transformiert durch die Einführung einer oder mehrerer der replizierbaren DNA gemäß einem der Ansprüche 1 oder 2.
4. Pendelvektor (shuttle vector) pECM3ilvBNCD, gekennzeichnet
 - 35 durch die in der Abb. 3 wiedergegebene Restriktionskarte, hinterlegt als *E.coli* DH5 α mcr/pECM3ilvBNCD unter der Bezeichnung DSM 12457.
5. Pendelvektor (shuttle vector) pEKEx2panBC, gekennzeichnet
 - 40 durch die in der Abb.2 wiedergegebene Restriktionskarte, hinterlegt als *E.coli* DH5 α mcr/pEKEx2panBC unter der Bezeichnung DSM 12456.
- 45 6. Verfahren zur Herstellung von Pantothensäure, dadurch gekennzeichnet,
 - daß man in den Mikroorganismen der Gattung *Corynebacterium* das panB- und panC-Gen und gegebenenfalls weitere für die entsprechenden Enzyme codierenden Nucleotidsequenzen verstärkt (überexprimiert) und
 - 50 diese Mikroorganismen zur Fermentation einsetzt.
7. Verfahren zur Herstellung gemäß Anspruch 6, dadurch gekennzeichnet,
 - 55 daß man zusätzlich das ilvD-Gen verstärkt (überexprimiert).
8. Verfahren gemäß den Ansprüchen 6 oder 7, dadurch gekennzeichnet,

daß man zusätzlich die Gene ilvBNCD verstärkt (überexprimiert).

9. Verfahren gemäß den Ansprüchen 6 oder 7,
dadurch gekennzeichnet,

daß man zur Erzielung der Verstärkung die Kopienzahl der Gene bzw. Nucleotidsequenzen in den Mikroorganismen durch Transformation mit diesen Gene bzw. Nucleotidsequenzen tragenden Plasmidvektoren erhöht.

10. Verfahren gemäß den Ansprüchen 6 oder 7,
dadurch gekennzeichnet,

daß man zur Erzielung der Verstärkung die sich stromaufwärts des Strukturgens befindende Promoter- und Regulationsregion mutiert.

11. Verfahren gemäß den Ansprüchen 6 oder 7,
dadurch gekennzeichnet,

daß man zur Erzielung der Verstärkung stromaufwärts des Strukturgens Expressionskassetten einbaut.

12. Verfahren gemäß den Ansprüchen 6 oder 7,
dadurch gekennzeichnet,

daß man zur Erzielung der Verstärkung die Lebensdauer der mRNA, die von den oben genannten Sequenzen als Matrize abgelesen wird, verlängert und/oder den Abbau der (des) entsprechenden Enzymproteins(e) verhindert.

13. Verfahren gemäß den Ansprüchen 6 bis 12,
dadurch gekennzeichnet,

daß man die Gene gemäß Anspruch 1 in Corynebakterien überexprimiert, die weitere Metabolit- bzw. Antimetabolit-Resistenzmutationen aufweisen.

14. Verfahren gemäß den Ansprüchen 6 bis 12,
dadurch gekennzeichnet,

daß man zur Erzielung der Überexpression das Kulturmedium und/oder die Fermentationsführung ändert.

15. Verfahren gemäß den Ansprüchen 6 bis 14,
dadurch gekennzeichnet,

daß man zumindest einen der Stoffwechselwege in den Mikroorganismen ausgeschaltet, die die Pantothenat-(Pantothensäure)-bildung verringern.

16. Verfahren gemäß den Ansprüchen 6 bis 15,
dadurch gekennzeichnet,

daß man Mikroorganismen einsetzt, in denen man zusätzlich zu einem oder mehreren der Gene die übrigen Gene des Stoffwechselweges der Pantothensäurebildung, einzeln oder gemeinsam, überexprimiert.

17. Verfahren gemäß Anspruch 15,
dadurch gekennzeichnet,

daß man im Stoffwechselweg das ilvA-Gen ausschaltet.

18. Verfahren gemäß einem oder mehreren der Ansprüche 6 bis 17,
dadurch gekennzeichnet,

daß man Mikroorganismen der Gattung Corynebacterium einsetzt, die den Pendelvektor pECM3ilvBNCD ent-

halten.

19. Verfahren gemäß einem oder mehreren der Ansprüche 6 bis 17,
dadurch gekennzeichnet,

5

daß man Mikroorganismen der Gattung Corynebacterium einsetzt, die den Pendelvektor pEKEx2panBC enthalten.

20. Verfahren zur Herstellung von Pantothersäure durch Fermentation von Mikroorganismen der Gattung Corynebacterium gemäß einem oder mehreren der vorhergehenden Ansprüche,
dadurch gekennzeichnet,
daß man

10

15

- a) zumindest eines der Gene panB oder panC, bevorzugt panBC, gegebenenfalls in Kombination mit dem ilvD-Gen, verstärkt (überexprimiert), und
- b) die Pantothersäure im Medium oder in den Zellen der Mikroorganismen anreichert, und
- c) die Pantothersäure isoliert.

21. Verfahren gemäß den Ansprüchen 19 und 20,
dadurch gekennzeichnet,

20

daß man während der Fermentation eine Vorstufe der Pantothersäure zusetzt, ausgewählt aus der Gruppe Aspartat, β -Alanin, Ketoisovalerat, Ketopantoat oder Pantoat.

25

30

35

40

45

50

55

Abbildung 2

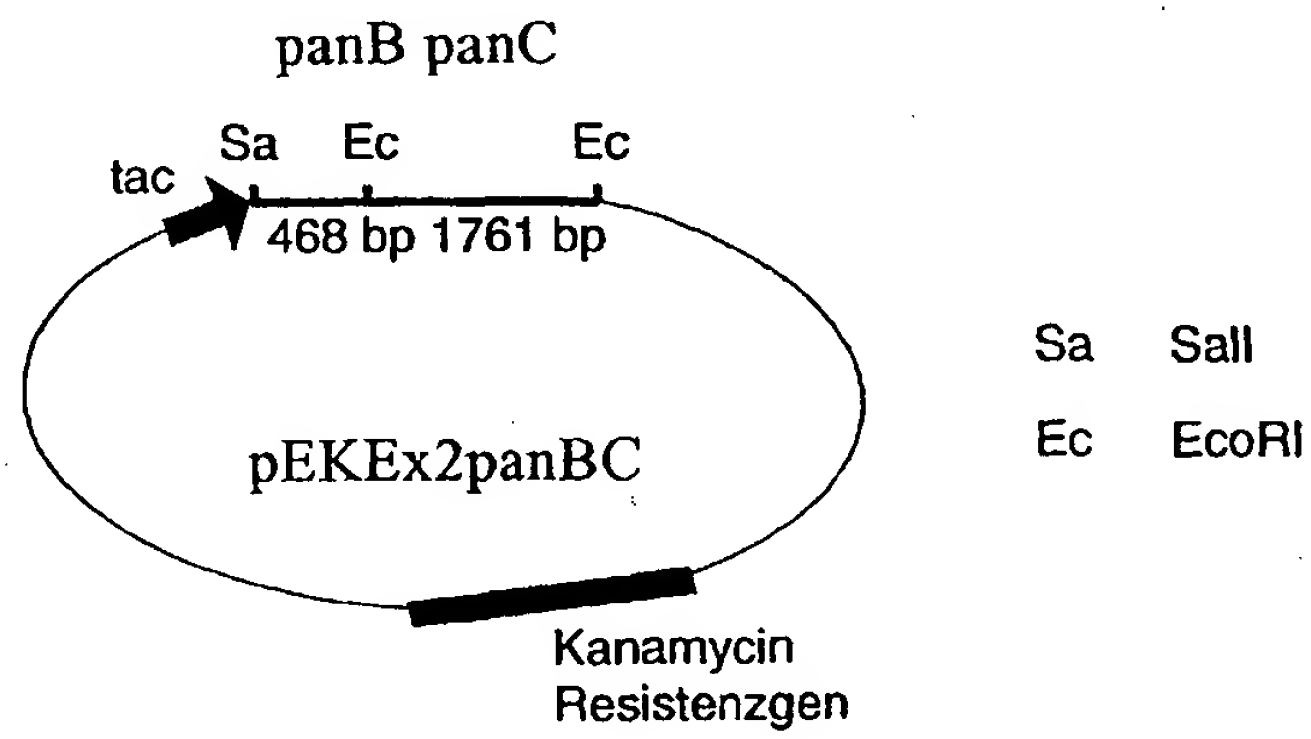
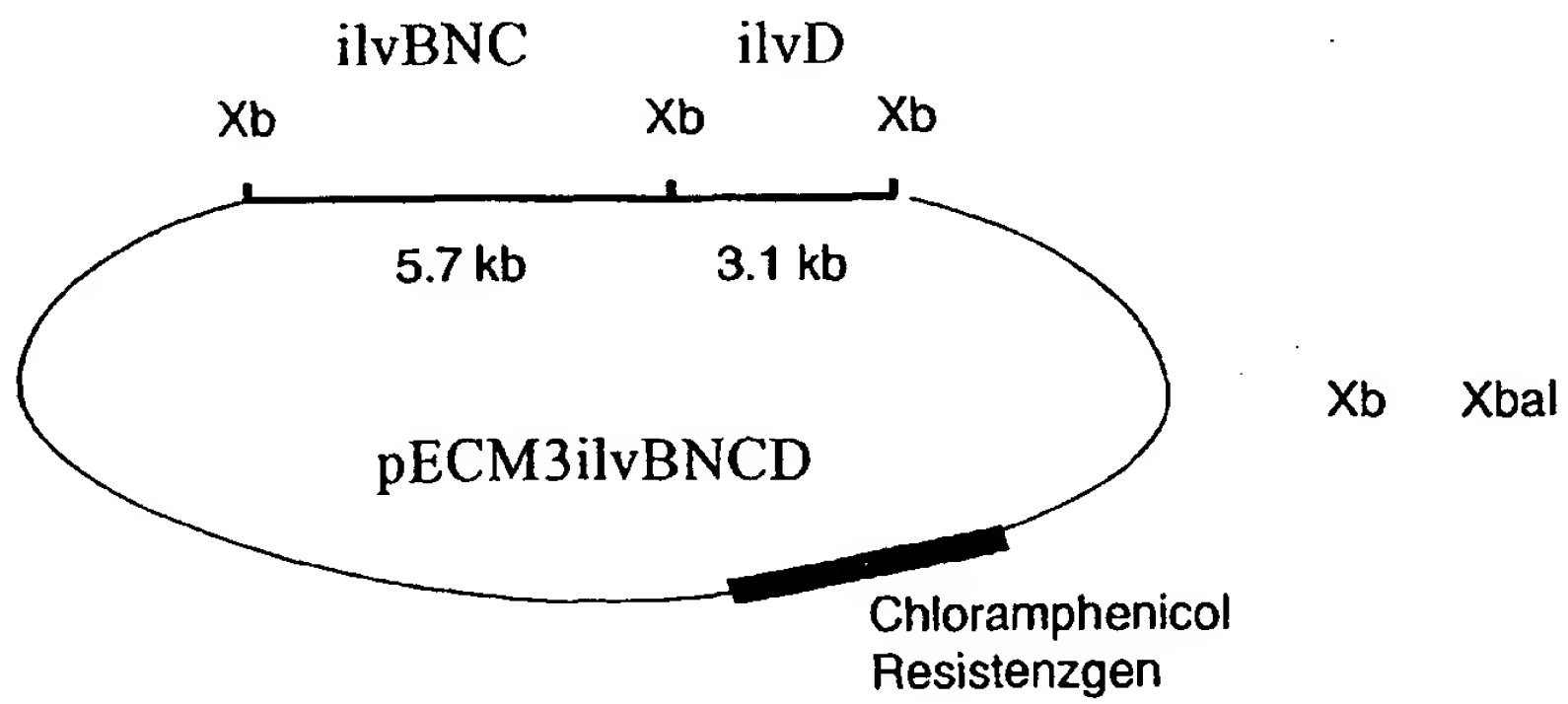


Abbildung 3



(19)



Europäisches Patentamt
European Patent Office
Office européen des brevets



(11)

EP 1 006 189 A2

(12)

EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG

(43) Veröffentlichungstag:
07.06.2000 Patentblatt 2000/23

(21) Anmeldenummer: 99123738.9

(22) Anmeldetag: 30.11.1999

(51) Int. Cl.⁷: C12N 15/52, C12N 15/54,
C12N 15/60, C12N 15/77,
C12P 13/02
// C12N1/21, (C12R1/15, 1:19)

(84) Benannte Vertragsstaaten:
AT BE CH CY DE DK ES FI FR GB GR IE IT LI LU
MC NL PT SE
Benannte Erstreckungsstaaten:
AL LT LV MK RO SI

(30) Priorität: 01.12.1998 DE 19855312

(71) Anmelder:
• Degussa-Hüls Aktiengesellschaft
60287 Frankfurt am Main (DE)

• FORSCHUNGSZENTRUM JÜLICH GMBH
52425 Jülich (DE)

(72) Erfinder:
• Eggeling, Lothar, Dr.
52428 Jülich (DE)
• Thierbach, Georg, Dr.
33613 Bielefeld (DE)
• Sahm, Herrmann, Prof.Dr.
52428 Jülich (DE)

(54) Verfahren zur fermentativen Herstellung von D-Pantothensäure unter Verwendung coryneformer Bakterien

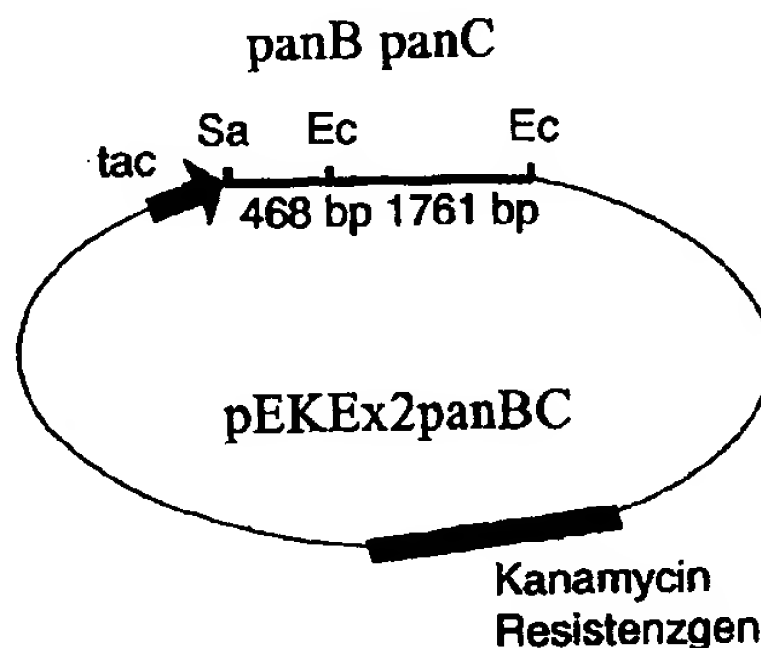
(57) Die Erfindung betrifft in Mikroorganismen der Gattung Corynebacterium replizierbare, gegebenenfalls rekombinante DNA mit der Herkunft Corynebacterium, die zumindest eine der folgenden Nucleotidsequenzen enthält, ausgewählt aus der Gruppe:

- a) codierend für das panB-Gen (Ketopantoathydroxymethyltransferase), dargestellt in der SEQ-ID-No.1,
- b) codierend für das panC-Gen (Pantothensyn-

thetase), dargestellt in der SEQ-ID-No.1, insbesondere das panBC-Operon und gegebenenfalls c) codierend für das ilvD-Gen (Dihydroxysäuredehydratase), dargestellt durch die SEQ-ID-No.4,

und ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von D-Pantothensäure unter Verwendung von Mikroorganismen der Gattung Corynebacterium, in denen die genannten Gene verstärkt werden.

Abbildung 2



Sa SalI
Ec EcoRI

EP 1 006 189 A2

Description

Prior art

Pantothenic acid is a vitamin of commercial importance which is used in cosmetics, medicine, human nutrition and livestock nutrition.

Pantothenic acid can be prepared by chemical synthesis or biotechnologically by fermentation of suitable microorganisms in suitable nutrient solutions. The advantage of biotechnological preparation by microorganisms is that the desired stereoisomeric D form of pantothenic acid is produced.

Various species of bacteria, such as, for example, *Escherichia coli*, *Corynebacterium erythrogenes*, *Brevibacterium ammoniagenes* and yeasts such as, for example, *Debaromyces castellii* are able, as shown in EP-A-0 493 060, to produce D-pantothenic acid in a nutrient solution containing glucose, DL-pantoic acid and β -alanine. EP-A-0 493 060 further shows that the formation of D-pantothenic acid is improved in *Escherichia coli* through amplification of pantothenic acid biosynthesis genes using the plasmids pFV3 and pFV5.

EP-A-0 590 857 relates to strains of *Escherichia coli* which harbor resistances to various antimetabolites such as, for example, salicylic acid, α -ketobutyric acid, β -hydroxyaspartic acid etc., and produce D-pantoic acid and D-pantothenic acid in a nutrient solution containing glucose and β -alanine. It is further described in EP-0 590 857 that the production of D-pantoic acid and D-pantothenic acid in *E. coli* can be improved by amplification of pantothenic acid biosynthesis genes from *E. coli* which are not defined in detail and which are present on the plasmid pFV31.

WO 97/10340 further shows that pantothenic acid production can be further increased in *Escherichia coli* mutants forming pantothenic acid by increasing the activity of the enzyme acetohydroxy acid synthase II, an enzyme of valine biosynthesis.

Object of the invention

The inventors have made it their object to provide new bases for improved processes for the production of D-pantothenic acid by fermentation using coryneform bacteria.

Description of the invention

The vitamin pantothenic acid is a product of commercial importance which is used in cosmetics, medicine, human nutrition and livestock nutrition. There is thus a general interest in providing improved processes for the production of pantothenic acid.

Mention of D-pantothenic acid or pantothenic acid or pantothenate in the following text means not only the free acid but also the salts of D-pantothenic acid such as, for example, the calcium, sodium, ammonium or potassium salt.

The invention relates to DNA which is replicable in microorganisms of the genus *Corynebacterium*, is recombinant where appropriate and is of *Corynebacterium* origin, and which comprises at least one of the following nucleotide sequences selected from the group:

- a) coding for the panB gene (ketopantoate hydroxymethyltransferase) depicted in SEQ ID No. 1,
- b) coding for the panC gene (pantothenate synthetase) depicted in SEQ ID No. 1, in particular the panBC operon and, where appropriate,
- c) coding for the ilvD gene (dihydroxy acid dehydratase) depicted by SEQ ID No. 4.

The invention likewise relates to replicable DNA as claimed in said claim 1 having:

- (i) the nucleotide sequences shown in SEQ ID No. 1, SEQ ID No. 4,
- (ii) at least one of these sequences which correspond to the respective sequences (i) within the range of degeneracy of the genetic code or
- (iii) at least one of these sequences which hybridize with sequences complementary to the respective sequences (i) or (ii) and, where appropriate,
- (iiii) functionally neutral sense mutations in (i).

Likewise claimed are coryneform microorganisms, in particular of the genus *Corynebacterium*, transformed by the introduction of one or more replicable DNA fragments.

The invention also relates to a process for the production of D-pantothenic acid using in particular coryneform bacteria which already produce this acid and in which the panB and panC genes are amplified, in particular overexpressed, singly or combined together, where appropriate combined with a defect mutation in the ilvA gene or an amplification of the ilvBN, ilvC or ilvD genes.

The term "amplification" describes in this connection the increase in the intracellular activity of one or more enzymes in a microorganism which are encoded by appropriate DNA, by, for example, increasing the copy number of the gene or genes, using a strong promoter or using a gene which codes for a corresponding enzyme with high activity and, where appropriate, combining these measures.

The microorganisms to which the present invention relates are able to produce pantothenic acid from glucose, sucrose, lactose, fructose, maltose, molasses, starch, cellulose or from glycerol and ethanol, in particular from glucose or sucrose. They are coryneform bacteria, for example of the genera *Corynebacterium* or *Arthrobacter*. In the genus *Corynebacterium*, particular mention should be made of the *Corynebacterium glutamicum* which is known amongst skilled workers for its ability to produce amino acids. To this species belong wild-type strains such as, for example, *Corynebacterium glutamicum* ATCC13032, *Brevibacterium flavum* ATCC14067, *Corynebacterium melassecola* ATCC17965 and strains derived therefrom.

The inventors have found that D-pantothenate is produced in an improved manner after amplification, in particular overexpression, of the newly isolated D-pantothenate biosynthesis genes *panB* and *panC*, singly or together (*panBC* operon) from *Corynebacterium glutamicum*, which code for the enzymes ketopantoate hydroxymethyltransferase and pantothenate synthetase.

The inventors have further found that enhanced expression of the novel valine biosynthesis gene *ilvD* from *Corynebacterium glutamicum*, which codes for the enzyme dihydroxy acid dehydratase, contributes to increased D-pantothenate production. Increased D-pantothenate production is brought about according to the invention not only by this gene but also by enhanced expression of the *ilvBN* genes which code for the enzyme acetohydroxy acid synthase, and of the *ilvC* gene which codes for the enzyme isomeroreductase, in *Corynebacterium glutamicum*.

To achieve amplification (overexpression), for example the copy number of the appropriate genes is increased or the promoter and regulatory region which is located upstream of the structural gene is mutated. Expression cassettes incorporated upstream of the structural gene act in the same way. It is additionally possible to increase the expression during the production of D-pantothenate in a fermentation by inducible promoters. Expression is likewise improved by measures which extend the life span of the m-RNA. The enzymic activity is likewise enhanced by preventing breakdown of the enzyme protein. The genes or gene constructs are either present in plasmid vectors with varying copy number or integrated and amplified in the chromosome. A further possible alternative is to achieve overexpression of the relevant genes by changing the medium composition and management of the culture. Instructions concerning this are to be found by the skilled worker inter alia in Martin et al. (Bio/Technology 5, 137-146 (1987)), in Guerrero et al. (Gene 138, 35-41 (1994)), Tsuchiya and Morinaga (Bio/Technology 6, 428-430 (1988)), in Eikmanns et al. (Gene 102, 93-98 (1991)), in the European Patent EP 0 472 869, in the US Patent 4,601,893, in Schwarzer and Pühler (Bio/Technology 9, 84-87 (1991)), in Reinscheid et al. (Applied and Environmental

Microbiology 60, 126-132 (1994)), in LaBarre et al. (Journal of Bacteriology 175, 1001-1007 (1993)), in the patent application WO 96/15246, in Jensen and Hammer (Biotechnology and Bioengineering 58, 191-195 (1998)) or in the handbook "Manual and Methods for General Bacteriology of the American Society for Bacteriology (Washington D.C., USA, 1981) and in well-known textbooks of genetics and molecular biology.

The *panB* and *panC* genes are isolated from *C. glutamicum* by firstly setting up a gene bank of this microorganism in *E. coli*. The setting up of gene banks is set forth in generally known textbooks and handbooks. Mention may be made, as example, of the textbook of Winnacker: Gene und Klone, Eine Einführung in die Gentechnologie (Verlag Chemie, Weinheim, Germany, 1990) or the handbook by Sambrook et al.: Molecular Cloning, A Laboratory Manual (Cold Spring Harbor Laboratory Press 1989). A well-known gene bank is that of the *E. coli* K-12 strain W3110, which was set up by Kohara et al. (Cell 50, 495-508 (1987)) in λ vectors. Bathe et al. (Molecular and General Genetics, 252:255-265, 1996) describe a gene bank of *C. glutamicum* ATCC13032 which was set up in the *E. coli* K-12 strain NM554 (Raleigh et al., 1988, Nucleic Acids Research 16:1563-1575) with the aid of the cosmid vector SuperCos I (Wahl et al., 1987, Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 84:2160-2164). A gene bank of *C. glutamicum* in *E. coli* can also be produced by using plasmids such as pBR322 (Bolivar, Life Sciences, 25, 807-818 (1979)) or pUC19 (Norrandar et al., 1983, Gene, 26:101-106). Particularly suitable hosts are those *E. coli* strains which are restriction and recombination deficient. One example thereof is the strain DH5 α mcr, which was described by Grant et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 87 (1990) 4645-4649).

The gene bank is subsequently introduced into an indicator strain by transformation (Hanahan, Journal of Molecular Biology 166, 557-580, 1983) or electroporation (Tauch et al., 1994, FEMS Microbiological Letters, 123:343-347). The indicator strain is distinguished by having in the gene of interest a mutation which gives rise to a detectable phenotype, for example an auxotrophy. The indicator strains or mutants are obtainable from published sources or collections of strains or are, where appropriate, self-produced. The *E. coli* mutant DV39 (Vallari and Rock, Journal of Bacteriology 1985, 164:136-142), which harbors a mutation in the *panC* gene, is of particular interest for the purpose of the present invention. Another example of a pantothenic acid-requiring *E. coli* mutant is the strain SJ2, which harbors a mutation in the *panB* gene and can be purchased from the genetic stock center of Yale University (New Haven, Connecticut, USA). Another example is the *C. glutamicum* mutant R127/7, which was isolated for the purpose of the present invention and in which the *ilvD* gene coding for dihydroxy acid dehydratase is

defective. After transformation of the indicator strain, such as, for example, of the panB mutant SJ2, with a recombinant plasmid which harbors the gene of interest, such as, for example, the panB gene, and expression of the relevant gene, the indicator strain becomes prototrophic with regard to the corresponding property, such as, for example, the pantothenic acid requirement.

The gene or DNA fragment isolated in this way can be characterized by determining the sequence as described, for example, by Sanger et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America USA, 74:5463-5467, 1977).

The novel *C. glutamicum* DNA sequence coding for the panB and panC genes was obtained in this way and is, as SEQ ID No. 1, a constituent of the present invention. In addition, the amino acid sequences of the corresponding enzymes have been derived from the available DNA sequence using the methods described above. The resulting amino acid sequence of the panB gene product, namely of ketopantoate hydroxymethyltransferase, is depicted in SEQ ID No. 2, and the resulting amino acid sequence of the panC gene product, namely of pantothenate synthetase, is depicted in SEQ ID No. 3. Also obtained in this way was the novel *C. glutamicum* DNA sequence coding for the ilvD gene, which, as SEQ ID No. 4, is a constituent of the present invention. SEQ ID No. 5 depicts the resulting amino acid sequence of the ilvD gene product, namely of dihydroxy acid dehydratase.

Coding DNA sequences resulting from SEQ ID No. 1 and/or SEQ ID No. 4 through degeneracy of the genetic code are likewise a constituent of the invention. In the same way, DNA sequences which hybridize with SEQ ID No. 1 and/or SEQ ID No. 4 are a constituent of the invention. In addition, conservative amino acid exchanges such as, for example, exchange of glycine for alanine or of aspartic acid for glutamic acid in proteins are known to skilled workers as "sense mutations" which lead to no fundamental change in the activity of the protein, i.e. are functionally neutral. It is further known that modifications at the N and/or C terminus of a protein may negligibly impair or even stabilize its function. Details on this are to be found by the skilled worker inter alia in Ben-Bassat et al. (Journal of Bacteriology 169:751-757 (1987)), in O'Regan et al. (Gene 77:237-251 (1989)), in Sahin-Toth et al. (Protein Sciences 3:240-247 (1994)), in Hochuli et al. (Bio/Technology 6:1321-1325 (1988)) and in well-known textbooks of genetics and molecular biology. Amino acid sequences resulting in a corresponding manner from SEQ ID No. 2, SEQ ID No. 3 and/or SEQ ID No. 5 are likewise a constituent of the invention.

The gene characterized in this way can then be expressed singly or in combination with other ones in a suitable microorganism. A known method for expressing or overexpressing genes consists in amplifying them with the aid of

plasmid vectors which, in addition, may be provided with expression signals. Suitable plasmid vectors are those able to replicate in the appropriate microorganisms. Suitable for *Corynebacterium glutamicum* are, for example, the vectors pEKEx1 (Eikmanns et al., Gene 102:93-98 (1991)) or pZ8-1 (European patent 0 375 889) or pEKEx2 (Eikmanns et al. Microbiology 140:1817-1828 (1994)) or pECM2 (Jäger et al. Journal of Bacteriology 174(16): 5462-5465 (1992)). Examples of such plasmids are pEKEx2panBC and pECM3ilvBNCD, which are present in the strains DH5 α mcr/pEKEx2panBC and DH5 α mcr/pECM3ilvBNCD. The plasmid pEKEx2panBC is an *E. coli*/*C. glutamicum* shuttle vector harboring the panB and panC genes. The plasmid pECM3ilvBNCD is an *E. coli*/*C. glutamicum* shuttle vector harboring the ilvBN and ilvC genes in addition to the ilvD gene.

The inventors have further found that amplification of the panB and panC genes singly, together or in combination with the ilvBN, ilvC and ilvD genes has advantageous effects in those microorganisms showing reduced synthesis of the amino acids threonine and isoleucine. This reduced synthesis can be achieved by attenuating or eliminating the corresponding biosynthesis enzymes or activities thereof. Suitable for this purpose are, for example, the enzymes homoserine dehydrogenase, homoserine kinase, threonine synthase or else threonine dehydratase. One possibility for attenuating or eliminating enzymes and their activities is provided by mutagenesis methods.

They include untargeted methods making use of chemical reagents such as, for example, N-methyl-N'-nitro-N-nitrosoguanidine or else UV radiation for the mutagenesis, with a subsequent search of the required microorganisms for an L-threonine or L-isoleucine requirement. Methods for inducing mutation and searching for mutants are generally known and can be referred to, for example, in Miller (A Short Course in Bacterial Genetics, A Laboratory Manual and Handbook for *Escherichia coli* and Related Bacteria (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1992)) or in the handbook "Manual of Methods for General Bacteriology" of the American Society for Bacteriology (Washington D.C., USA, 1981).

These also include targeted recombinant DNA techniques. These methods can be used, for example, to delete the ilvA gene coding for threonine dehydratase in the chromosome. Suitable methods for this are described by Schäfer et al. (Gene (1994) 145: 69-73) or else Link et al. (Journal of Bacteriology (1998) 179: 6228-6237). It is also preferable to delete only parts of the gene, or else replace mutated fragments of the threonine dehydratase gene. Deletion or replacement thus achieves a loss or a reduction of threonine dehydratase activity (Möckel et al., (1994) Molecular Microbiology 13: 833-842; Morbach et al., (1996) Applied Microbiology and Biotechnology 45: 612-620). One example of such a

mutant is the *C. glutamicum* strain ATCC13032 Δ ilvA, which harbors a deletion in the *ilvA* gene.

The microorganisms produced according to the invention can be cultivated continuously or batchwise in a batch process or in a fed batch or repeated fed batch process in order to produce pantothenic acid. A summary of known cultivation methods is to be found in the textbook by Chmiel (Bioprozesstechnik 1. Einführung in die Bioverfahrenstechnik (Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1991)) or in the textbook by Storhas (Bioreactoren und periphere Einrichtungen (Vieweg Verlag, Braunschweig/Wiesbaden, 1994)).

The culture medium to be used must meet the requirements of the particular microorganisms in a suitable manner. Descriptions of culture media for various microorganisms are present in the handbook "Manual of Methods for General Bacteriology" of the American Society for Bacteriology (Washington D.C., USA, 1981). It is possible to use, as source of carbon sugars and carbohydrates such as, for example, glucose, sucrose, lactose, fructose, maltose, molasses, starch and cellulose, oils and fats such as, for example, soybean oil, sunflower oil, peanut oil and coconut fat, fatty acids such as, for example, palmitic acid, stearic acid and linoleic acid, alcohols such as, for example, glycerol and ethanol and organic acids such as, for example, acetic acid. These substances can be used singly or as mixtures. It is possible to use as source of nitrogen organic nitrogen-containing compounds such as peptones, yeast extract, meat extract, malt extract, corn steep liquor, soybean flour and urea or inorganic compounds such as ammonium sulfate, ammonium chloride, ammonium phosphate, ammonium carbonate and ammonium nitrate. The sources of nitrogen may be used singly or as mixture. It is possible to use as source of phosphorus potassium dihydrogen phosphate or dipotassium hydrogen phosphate or the corresponding sodium-containing salts. The culture medium must additionally contain salts of metals such as, for example, magnesium sulfate or iron sulfate, which are necessary for growth. Finally, it is possible to employ essential growth substances such as amino acids and vitamins in addition to the abovementioned substances. It is possible beyond this to add to the culture medium, for an additional increase in pantothenic acid production, precursors of pantothenic acid such as, for example, aspartate, β -alanine; ketoisovalerate, ketopantoate, pantoate and, where appropriate, salts thereof. Said starting materials can be added to the culture in the form of a single batch or be fed in during the cultivation in a suitable manner.

The pH of the culture is controlled by employing basic compounds such as sodium hydroxide, potassium hydroxide, ammonia or acidic compounds such as phosphoric acid or sulfuric acid in a suitable manner. Foaming can be controlled by employing antifoams such as, for example, fatty acid polyglycol esters.

To maintain the stability of plasmids it is possible to add to the medium suitable substances having a selective effect, for example antibiotics. Aerobic conditions are maintained by introducing oxygen or oxygen-containing gas mixtures such as, for example, air, into the culture. The temperature of the culture is normally 20°C to 50°C and preferably 25°C to 45°C. The culture is continued until pantothenic acid formation is at a maximum. This aim is normally achieved within 10 hours to 160 hours.

The concentration of pantothenic acid produced can be determined by known methods (Velisek; Chromatographic Science 60, 515-560 (1992)). Normally used for microbiological determination of pantothenic acid is the strain *Lactobacillus plantarum* ATCC8014 (U.S. Pharmacopeia 1980; AOAC International 1980). In addition to this, other test organisms such as, for example, *Pediococcus acidilactici* NCIB6990 are also used for microbiological determination of pantothenate concentrations (Sollberg and Hegna; Methods in Enzymology 62, 201-204 (1979)).

The following microorganisms have been deposited at the Deutsche Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ, Braunschweig, Germany) in accordance with the Budapest Treaty:

- *Escherichia coli* K12 strain DH5 α mcr/pEKEx2panBC as DSM12456
- *Escherichia coli* K12 strain DH5 α mcr/pECMK3ilvBNCD as DSM12457
- *Corynebacterium glutamicum* ATCC13032 Δ ilvA as DSM12455

Examples

The present invention is explained in detail below by means of examples.

Example 1

Cloning, sequencing and expression of the genes of pantothenate biosynthesis panB and panC from *C. glutamicum*

1. Cloning of the panB and panC genes

Chromosomal DNA of *C. glutamicum* ATCC13032 was isolated as described by Schwarzer and Pühler (Bio/Technology 9 (1990) 84-87) and cut with the restriction endonuclease Sau3A. After fractionation by gel electrophoresis, DNA fragment in a size range from 3 to 7 kb and from 9 to 20 kb were extracted and then ligated into the unique BamHI cleavage site of the vector pBR322. The ligation mixtures were used to transform (Hanahan, Journal of Molecular Biology 166 (1983) 557-580) the *E. coli* strain DH5 α mcr (Grant et al., Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America USA, 87 (1990) 4645-4649).

Insert-harboring colonies were identified on the basis of their tetracycline sensitivity after transfer to LB agar plates containing 10 µg/ml tetracycline. Plasmid preparations (Sambrook et al., Molecular cloning. A laboratory manual (1989) Cold Spring Harbor Laboratory Press) of combined clones resulted in the isolation of 8 groups which each contained 400 plasmids with an insert size of 9 to 20 kb and 9 groups which each contained 500 plasmids with an insert size of 3 to 7 kb. The *E. coli* panB mutant SJ2 (Cronan et al. 1982, Journal of Bacteriology 149: 916-922) was transformed with this gene bank by electroporation (Wehrmann et al. 1994, Microbiology 140: 3349-3356). The transformation mixtures were plated out directly onto CGXII medium with 15 g/l agar (Keilhauer et al., Journal of Bacteriology (1993) 175:5595-5603). Plasmid DNA was isolated from clones able to grow without pantothenate supplementation (Sambrook et al., Molecular cloning. A laboratory manual (1989) Cold Spring Harbor Laboratory Press). It was possible by retransformation to confirm the capability for heterologous complementation of the panB defect of the *E. coli* mutant SJ2 by 8 plasmids.

A restriction mapping of these 8 plasmids was carried out. One of the investigated plasmid vectors, called pUR1 hereinafter, contained an insert with a length of 9.3 kb (Figure 1). Transformation of the *E. coli* panC mutant DV39 (Vallari and Rock 1985, Journal of Bacteriology 164:136-142) revealed that the vector pUR1 was likewise able to complement the panC defect of this mutant.

2. Sequencing of the panB gene and of the panC gene

A fragment 2.2 kb in size of the insert (Figure 1) of pUR1 was sequenced by the dideoxy chain termination method of Sanger et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America USA (1977) 74: 5463-5467). For this purpose, initially subclones were generated using exonuclease III and were sequenced using standard primers (universal and reverse primer supplied by Boehringer Mannheim, Germany). The sequencing mixtures underwent analysis by gel electrophoresis using the automatic laser fluorescence sequencing apparatus (A.L.F.) from Amersham Pharmacia Biotech (Uppsala, Sweden). The resulting nucleotide sequence was analyzed using the HUSAR program package (Release 4.0, EMBL, Cambridge, GB). The nucleotide sequence is depicted as SEQ ID No. 1. Analysis resulted in identification of two open reading frames. One open reading frame with a length of 813 bp which was identified as the panB gene codes for a polypeptide of 271 amino acids and is depicted as SEQ ID No. 2. The second open reading frame which was identified as the panC gene comprises 837 base pairs. This codes for a polypeptide of 279 amino acids which is depicted as SEQ ID No. 3.

3. Expression of the panB and of the panC gene

The panB and panC genes were cloned into the *C. glutamicum* expression vector pEKEx2 (Eikmanns et al. 1994, Microbiology 140: 1817-1828 (1994)) in which the two genes are under the control of the strong tac promoter which is inducible by IPTG. The cloning was carried out in two steps. In the first place, the start of the panB gene was amplified by PCR. This was done by inserting a Sall cleavage site 19 bp in front of the panB start codon using an appropriate primer (primer 1: 5'GATCGTCGACCATCACATCTATACTCATGCCC 3'). The second primer was selected so that the panB-internal EcoRI cleavage site was present in the amplified fragment (primer 2: 5'ACCCG ATGTGGCCGACAACC 3'). The PCR was carried out with an annealing temperature of 62°C and with the plasmid pUR1 as template as described by Sambrook et al. (Molecular cloning. A laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press (1989)). The resulting PCR product with a size of 468 bp was cut with the restriction endonucleases Sall and EcoRI and ligated into the vector pEKEx2 which had been treated in the same way. The ligation mixture was used to transform the *E. coli* strain DH5 α mcr. The vector pEKEx2panB' was isolated from a transformant of the type DH5 α mcr/pEKEx2panB'.

An EcoRI fragment 1761 bp in size and comprising the second half of the panBC cluster was then cut out of the plasmid pUR1 by restriction digestion. This was cloned into the pEKEx2panB' vector which already contained the panB PCR product and had previously been linearized with EcoRI. The corresponding ligation mixture was used to transform the *E. coli* strain DH5 α mcr. The vector pEKEx2panBC (Figure 2), in which the panBC gene cluster is under the control of the tac promoter, was isolated from a transformant of the type DH5 α mcr/pEKEx2panBC.

Example 2

Cloning and sequencing of the *C. glutamicum* ilvD gene which codes for dihydroxy acid dehydratase

1. Isolation of an ilvD mutant of *C. glutamicum*

The strain *C. glutamicum* R127 (Haynes 1989, FEMS Microbiology Letters 61: 329-334) was mutagenized with N-methyl-N'-nitro-N-nitrosoguanidine (Sambrook et al., Molecular Cloning. A laboratory manual (1989) Cold Spring Harbor Laboratory Press). This was done by adding 250 μ l of N-methyl-N'-nitro-N-nitrosoguanidine (5 mg/ml dimethylformamide) to 5 ml of an overnight culture of *C. glutamicum* and incubating at 30°C and 200 rpm for 30 minutes (Adelberg 1958, Journal of Bacteriology 76: 326). The cells were then washed twice with sterile NaCl

solution (0.9%). Replica plating of CGXII minimal medium plates with 15 g/l agar (Keilhauer et al., Journal of Bacteriology 175: 5595-5603) resulted in isolation of mutants which grew only on addition of L-valine, L-isoleucine and L-leucine (0.1 g/l of each).

The enzymic activity of the dihydroxy acid dehydratase was determined in the crude extract of these mutants. This was done by cultivating the clones in 60 ml of LB medium and centrifuging in the exponential growth phase. The cell pellet was washed once with 0.05M potassium phosphate buffer and resuspended in the same buffer. The cells were disrupted by treatment with ultrasound (Branson-Sonifer W-250, Branson Sonic Power Co, Danbury, USA) for 10 minutes. The cell detritus was then removed by centrifugation at 13,000 rpm and 4°C for 30 minutes, and the supernatant was employed as crude extract in the enzyme assay. The reaction mixture for the enzyme assay contained 0.2 ml of 0.25M Tris/HCl, pH 8, 0.05 ml of crude extract and 0.15 ml of 65 mM α,β -dihydroxy- β -methylvalerate. The assay mixtures were incubated at 30°C, and 200 μ l samples were taken after 10, 20 and 30 minutes and their ketomethylvalerate concentration was determined by HPLC analysis (Hara et al. 1985, Analytica Chimica Acta 172: 167-173). As Table 1 shows, the strain R127/7 displays no dihydroxy acid dehydratase activity, whereas the isomeroreductase and acetohydroxy acid synthase activities are still present as further enzymes of the synthesis of branched-chain amino acids.

Table 1

Specific activities (μ mol/min and mg of protein) of various enzymes in <i>C. glutamicum</i> strains			
strain	dihydroxy acid dehydratase	isomeroreductase	acetohydroxy acid synthase
R127	0.003	0.05	0.07
R127/7	0.000	0.06	0.09

2. Cloning of the *ilvD* gene from *C. glutamicum*

Chromosomal DNA from *C. glutamicum* R127 was isolated as described by Schwarzer and Pühler (Bio/Technology 9 (1990) 84-87). It was cleaved with the restriction enzyme *Sau*3A (Boehringer Mannheim) and fractionated by sucrose density gradient centrifugation (Sambrook et al., Molecular cloning. A laboratory manual (1989) Cold Spring Harbor Laboratory Press). The fraction with fragments in the size range of about 6-10 kb was employed for ligation with the vector pJC1 (Cremer et al., Molecular and General Genetics 220 (1990) 478-480).

The vector pJC1 was for this purpose linearized with BamHI and dephosphorylated. Five ng thereof were ligated with 20 ng of said fraction of the chromosomal DNA, and this was used to transform the mutant R127/7 by electroporation (Haynes and Britz, FEMS Microbiology Letters 61 (1989) 329-334). The transformants were tested for the ability to grow on CGXII agar plates without addition of the branched-chain amino acids. Of more than 5000 tested transformants, 8 clones grew on minimal medium plates after replica plating and incubation at 30°C for 2 days. Plasmid preparations as described by Schwarzer et al. (Bio/Technology (1990) 9:84-87) were carried out on these clones. Restriction analyses of the plasmid DNA revealed that the same plasmid, called pRV hereinafter, was present in all 8 clones. The plasmid harbors an insert of 4.3 kb and was tested for its ability to complement the *ilvD* mutant R127/7 by retransformation. The region responsible for complementation of the mutant R127/7 was localized by subcloning to a 2.9 kb *ScaI/XhoI* fragment.

3. Sequencing of the *ilvD* gene

The nucleic acid sequence of the 2.9 kb *ScaI/XhoI* fragment was determined by the dideoxy chain termination method of Sanger et al., (Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America USA (1977) 74:5463-5467). This entails use of the Auto-Read sequencing kit (Amersham Pharmacia Biotech, Uppsala, Sweden). The gel electrophoretic analysis took place with the automatic laser fluorescence sequencing apparatus (A.L.F.) from Amersham Pharmacia Biotech (Uppsala, Sweden). The resulting nucleotide sequence was analyzed using the HUSAR program package (Release 4.0, EMBL, Cambridge, GB). The nucleotide sequence is depicted as SEQ ID No. 4. Analysis revealed an open reading frame of 1836 base pairs, which was identified as the *ilvD* gene and codes for a polypeptide of 612 amino acids, which is depicted as SEQ ID No. 5.

Example 3

Construction of an *ilvA* deletion mutant of the *C. glutamicum*

Incorporation of a deletion into the *ilvA* gene of *Corynebacterium glutamicum* ATCC 13032 was carried out using the system for gene replacement described by Schäfer et al., (Gene 145:69-73 (1994)). To construct the inactivation vector pK19mobsacB Δ *ilvA* firstly an internal 241 bp *BglII* fragment was deleted from the *ilvA* gene present on an *EcoRI* fragment in the vector pBM21 (Möckel et al. 1994, Molecular Microbiology 13:833-842). This was done by cutting the vector with *BglII* and, after removal of the *ilvA*-internal *BglII* fragment by agarose gel

electrophoresis, religating. The incomplete gene was then isolated from the vector as EcoRI fragment and ligated into the vector pK19mobsacB (Schäfer 1994, Gene 145:69-73) linearized with EcoRI. The resulting inactivation vector pK19mobsacB Δ ilvA was introduced into the *E. coli* strain S 17-1 by transformation (Hanahan 1983, Journal of Molecular Biology 166: 557-580) and transferred by conjugation to *C. glutamicum* ATCC13032 (Schäfer et al. 1990, Journal of Bacteriology 172: 1663-1666). Kanamycin-resistant clones of *C. glutamicum* in which the inactivation vector was integrated into the genome were obtained. In order to select for excision of the vector, kanamycin-resistant clones were plated out on sucrose-containing LB medium (Sambrook et al., Molecular cloning. A laboratory manual (1989) Cold Spring Harbor Laboratory Press) with 15 g/l agar, 2% glucose/10% sucrose to result in colonies which have lost the vector again through a second recombination event (Jäger et al. 1992, Journal of Bacteriology 174:5462-5465). Transfer to minimal medium plates (CGXII medium with 15 g/l agar (Keilhauer et al., Journal of Bacteriology 175 (1993) 5595-5603)) with and without 2 mM L-isoleucine, or with and without 50 μ g/ml kanamycin, resulted in the isolation of 36 clones which, due to excision of the vector, were kanamycin-sensitive and isoleucine-auxotrophic and in which the incomplete ilvA gene (Δ ilvA allele) was now present in the genome. One of these clones was called the strain ATCC13032 Δ ilvA and used further.

Example 4

Expression of the ilvBN, ilvC and ilvD genes in *C. glutamicum*

The genes of acetohydroxy acid synthase (ilvBN) and of isomeroreductase (ilvC) (Cordes et al. 1992, Gene 112:113-116 and Keilhauer et al. 1993, Journal of Bacteriology 175: 5595-5603) and of dihydroxy acid dehydratase (ilvD) (Example 2) were cloned into the vector pECM3 for expression. The vector pECM3 is a derivative of pECM2 (Jäger et al. 1992, Journal of Bacteriology 174: 5462-5465) which was produced by deletion of the BamHI/BglII DNA fragment which is about 1 kbp long and which harbors the kanamycin resistance gene.

The ilvBNC genes are already present cloned in the vector pJC1 (Cremer et al. 1990, Molecular and General Genetics 220: 478-480) in the vector pKK5 (Cordes et al. 1992, Gene 112:113-116). A 5.7 kb XbaIilvBNC fragment was isolated from the latter and introduced together with a 3.1 kb XbaI fragment containing the ilvD gene from the vector pRV into the vector pECM3 which had been linearized with XbaI. The ligation mixture was in this case transformed into the *E. coli* strain DH5 α mcr. The plasmid pECM3ilvBNCD (Figure 3) was obtained from a transformant of the type DH5 α mcr/pECM3ilvBNCD.

The plasmid pECM3ilvBNCD was introduced into the strain ATCC13032 Δ ilvA by electroporation (Haynes 1989, FEMS Microbiology Letters 61:329-334) and selection for chloramphenicol resistance, and the strain ATCC13032 Δ ilvA/pECM3ilvBNCD was obtained. The plasmid pEKEx2panBC was introduced into the strain ATCC13032 and into the strain ATCC13032 Δ ilvA by electroporation (Haynes 1989, FEMS Microbiology Letters 61: 329-334) and selection for kanamycin resistance, and the strains ATCC13032/pEKEx2panBC and ATCC13032 Δ ilvA/pEKEx2panBC were obtained. The plasmids pEKEx2panBC and pEKEx2 were introduced into the strain ATCC13032 Δ ilvA/pECM3ilvBNCD by electroporation (Haynes 1989, FEMS Microbiology Letters 61:329-334) and kanamycin and chloramphenicol selection. This resulted in the strains ATCC13032 Δ ilvA/pECM3ilvBNCD pEKEx2 and ATCC13032 Δ ilvA/pECM3ilvBNCD pEKEx2panBC.

Example 5

Construction of a pantothenic acid-requiring panC mutant of *C. glutamicum*

A *C. glutamicum* R127 panC mutant was generated using the inactivation vector pK18mob (Schäfer et al. 1994, Gene 145:69-73).

The panC inactivation vector was constructed by firstly amplifying a central fragment 168 bp in size of a panC gene (nucleotide 265-432 of the gene which comprises 837 bp) of *C. glutamicum* by the polymerase chain reaction (PCR). The template used in this case was the vector pUR1 (see Example 6); the primers employed were the two 20mers primer 1 and primer 2: primer 1 5' GTTCGCACCCGATGTGGAGG 3', primer 2 5' ATGCACGATCAGGGCGCACC 3'. The PCR was carried out as described by Sambrook et al. (Molecular cloning. A laboratory manual (1989) Cold Spring Harbor Laboratory Press) with an annealing temperature of 55°C. The resulting fragment was, after intermediate cloning into the SmaI cleavage site of the vector pUC18, ligated as EcoRI/SalI fragment aligned into the inactivation vector pK18mob (Schäfer et al. 1994, Gene 145:69-73). The resulting vector pK18mob'panC' was used to transform the *E. coli* strain S 17-1 and then introduced by conjugation into *C. glutamicum* R127. Selection for kanamycin resistance resulted in clones of *C. glutamicum* R127 in which the integration vector is integrated into a panC gene by a homologous recombination event. This resulting strain R12YpanC::pK18mob'panC' is suitable for D-pantothenate determination.

Example 6

Quantitative determination of D-pantothenate

The *C. glutamicum* panC mutant R127panC::pK18mob'panC', whose growth depends directly on the D-pantothenate concentration in the medium, was constructed (see Example 5) for quantitative determination of D-pantothenate. This strain is pantothenic acid-auxotrophic and shows no growth on supplementation with β -alanine and D-pantoate.

CGXII medium (Keilhauer et al., Journal of Bacteriology (1993) 175:5595-5603) was employed as test medium for determining pantothenate with this indicator strain. This was done by adding 1 ml of pantothenic acid-containing sterile calibration or sample solution to a 3 ml portion of 4/3-fold concentrated CGXII medium in an incubation tube (Falcon 2057, Becton and Dickinson, New Jersey, USA) and inoculating with the indicator strain. 60 μ l of a glycerol culture of the indicator strain were employed as inoculum in each case. After incubation at 30°C for 40 hours, the cell density (OD_{600}) (Novaspec 4049 spectrophotometer, LKB Biochrom, Cambridge, GB) of the test mixture was determined, and the pantothenic acid concentration was established using a calibration plot. The strain shows a linear dependence of growth on the pantothenate concentration up to a concentration of 25 μ g/l, with an optical density of from 0.5 to 10. To produce the glycerol culture of the indicator strain, this strain was incubated on unsupplemented CGXII medium for 24 hours (starving of D-pantothenate). 1050 μ l of the culture were then mixed with 700 μ l of glycerol. 60 μ l of this glycerol culture which had been frozen at -70°C were used to determine D-pantothenate as previously described. The reference used was Na pantothenate purchased from Sigma (Deisenhofen, Germany).

Example 7

D-pantothenate production using various *C. glutamicum* strains

Pantothenate formation by the strains ATCC13032, ATCC13032/pEKEx2panBC, ATCC13032 Δ ilvA and ATCC13032 Δ ilvA/pEKEx2panBC was investigated by preculturing them in 60 ml of brain-heart infusion medium (Difco Laboratories, Detroit, USA) at 30°C for 14 hours. The cells were then washed twice with 0.9% NaCl solution (w/v), and this suspension was used to inoculate 60-ml portions of CGXII medium so that the OD_{600} was 0.5. The medium was identical to the medium described by Keilhauer et al., (Journal of Bacteriology (1993) 175:5595-5603) but additionally contained 2 mM L-isoleucine. The medium CGXII described by Keilhauer et al. is shown in Table 2.

- 16 -
Table 2

Composition of the medium CGXII	
Component	Concentration
(NH ₄) ₂ SO ₄	20 g/L
Urea	5 g/L
KH ₂ PO ₄	1 g/L
K ₂ HPO ₄	1 g/L
Mg ₂ O ₄ ·7H ₂ O	0.25 g/L
3-Morpholinopropanesulfonic acid	42 g/L
CaCl ₂	10 mg/L
FeSO ₄ ·7H ₂ O	10 mg/L
MnSO ₄ ·H ₂ O	10 mg/L
ZnSO ₄ ·7H ₂ O	1 mg/L
CuSO ₄	0.2 mg/L
NiCl ₂ ·6H ₂ O	0.02 mg/L
Biotin (pH 7)	0.2 mg/L
Glucose	40 g/L
Protocatechuic acid	0.03 mg/L

On cultivation of the strains ATCC13032/pEKEx2panBC and ATCC13032ΔilvA/pEKEx2panBC, after 5 hours 1 mM isopropyl thio-β-D-galactoside was additionally added to the medium. After cultivation for 24 hours, samples were taken, the cells were centrifuged down, and the supernatant was sterilized by filtration. The pantothenate concentration of the supernatant was determined using the pantothenate test described in Example 6. The results are shown in Table 3.

Table 3

D-pantothenate formation in various <i>C. glutamicum</i> strains	
Strain	D-pantothenate (mg/l)
ATCC13032	0.01
ATCC13032/pEKEx2panBC	0.03
ATCC13032ΔilvA	0.06
ATTCC13032ΔilvA/pEKEx2panBC	0.3

Example 9

D-pantothenate production using various *C. glutamicum* strains with addition of β -alanine

Pantothenate formation was quantified by preculturing the strains ATCC13032 Δ ilvA/pECM3ilvBNCD pEKEx2 and ATCC13032 Δ ilvA/pECM3ilvBNCD pEKEx2panBC in 60 ml of brain-heart infusion medium (Difco Laboratories, Detroit, USA) with 25 mg/l of kanamycin and 3 mg/l chloramphenicol at 30°C for 14 hours, washing twice with 0.9% NaCl solution (w/v) and using this suspension to inoculate 50-ml portions of CGXII medium so that the OD₆₀₀ was 0.5. The medium in this case contained 2 mM L-isoleucine, 25 mg/l kanamycin, 3 mg/l chloramphenicol and β -alanine in a final concentration of 20 mM. After cultivation for 5 hours, IPTG (isopropyl thio- β -D-galactoside) was added to the medium in each case in a final concentration of 1 mM. A sample was taken after 49 and 74 hours, the cells were centrifuged down, the supernatant was sterilized by filtration. The pantothenate concentration in the supernatant was determined as described in Example 6. The results are shown in Table 4.

Table 4

D-pantothenate accumulation in various <i>C. glutamicum</i> strains		
Strain	D-pantothenate [mg/l] after an incubation time of	
	49 hours	74 hours
ATCC13032 Δ ilvA/pECM3ilvBNCD pEKEx2	80	100
ATCC13032 Δ ilvA/pECM3ilvBNCD pEKEx2panBC	920	980

SEQUENCE LISTING

(1) GENERAL INFORMATION:

(i) APPLICANT:

- (A) NAME: Degussa Aktiengesellschaft
- (B) STREET: Weissfrauenstr. 9
- (C) CITY: Frankfurt am Main
- (D) FEDERAL STATE: Hessen
- (E) COUNTRY: Germany
- (F) POSTAL CODE: D-60311

- (A) NAME: Forschungszentrum Juelich GmbH
- (B) STREET: Leo-Brandt Strasse
- (C) CITY: Juelich
- (D) FEDERAL STATE: North Rhine-Westphalia
- (E) COUNTRY: Germany
- (F) POSTAL CODE: D-52425

(ii) TITLE OF THE INVENTION: Process for the production of D-pantothenic acid by fermentation using coryneform bacteria

(iii) NUMBER OF SEQUENCES: 5

(iv) COMPUTER-READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
(EPO)

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO. 1:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2164 base pairs
- (B) TYPE: nucleotide
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: genomic DNA

(iii) HYPOTHETICAL: no

(iv) ANTISENSE: no

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Corynebacterium glutamicum*

(B) STRAIN: ATCC13032

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: CDS

(B) LOCATION: 351...1163

(D) OTHER INFORMATION: /codon_start = 351

/EC_number = 4.1.2.12

/product =

"ketopantoate hydroxymethyltransferase"

/gene = "panB"

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: CDS

(B) LOCATION: 1166...2002

(D) OTHER INFORMATION: /codon_start = 1166

/EC_number = 6.3.2.1

/product = "pantothenate synthetase"

/gene = "panC"

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO. 1:

[see original for sequence listing]

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO. 2:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 271 amino acids

(B) TYPE: amino acid

(D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO. 2:

[see original for sequence listing]

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO. 3:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 279 amino acids
- (B) TYPE: amino acid
- (D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO. 3:

[see original for sequence listing]

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO. 4:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2952 base pairs
- (B) TYPE: nucleotide
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: genomic DNA

(iii) HYPOTHETICAL: no

(iv) ANTISENSE: no

(vi) ORIGINAL SOURCE:

- (A) ORGANISM: *Corynebacterium glutamicum*
- (B) STRAIN: ATCC13032
- (C) INDIVIDUAL/ISOLATE: MUTANT R127

(ix) FEATURE:

- (A) NAME/KEY: CDS
- (B) LOCATION: 290...2125

- (D) OTHER INFORMATION: /codon_start = 290
/EC_number = 4.2.1.9
/product = "dihydroxy acid dehydratase"
/gene = "ilvD"

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION FOR SEQ ID No. 4:

[see original for sequence listing]

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO. 5:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 612 amino acids
(B) TYPE: amino acid
(D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO. 5:

[see original for sequence listing]

Figures

The following figures are appended:

Figure 1:

Restriction mapping of pUR1 and location of the sequenced fragment.

Figure 2:

Restriction map of the plasmid pEKEx2panBC.

Figure 3:

Restriction map of the plasmid pECM3ilvBNCD.

Patent claims

1. DNA which is replicable in microorganisms of the genus *Corynebacterium*, is recombinant where appropriate and is of *Corynebacterium* origin, and which comprises at least one of the following nucleotide sequences selected from the group:
 - a) coding for the panB gene (ketopantoate hydroxymethyltransferase) depicted in SEQ ID No. 1,
 - b) coding for the panC gene (pantothenate synthetase) depicted in SEQ ID No. 1, in particular the panBC operon and, where appropriate,
 - c) coding for the ilvD gene (dihydroxy acid dehydratase) depicted by SEQ ID No. 4.
2. Replicable DNA as claimed in claim 1 with:
 - (i) the nucleotide sequences shown in SEQ ID No. 1, SEQ ID No. 4,
 - (ii) at least one of these sequences which correspond to the respective sequences (i) within the range of degeneracy of the genetic code or
 - (iii) at least one of these sequences which hybridize with sequences complementary to the respective sequences (i) or (ii) and, where appropriate,
 - (iiii) functionally neutral sense mutations in (i).
3. A microorganism, in particular of the genus *Corynebacterium*, transformed by introduction of one or more of the replicable DNA as claimed in either of claims 1 or 2.
4. A shuttle vector pECM3ilvBNCD, characterized by the restriction map depicted in Fig. 3 and deposited as *E. coli* DH5 α mcr/pECM2ilvBNCD under the number DSM 12457.
5. A shuttle vector pEKEx2panBC, characterized by the restriction map depicted in Fig. 2 and deposited as *E. coli* DH5 α mcr/pEKEx2panBC under the number DSM 12456.
6. A process for the production of pantothenic acid, which comprises amplification (overexpression) of the panB gene and panC gene and, where appropriate, other nucleotide sequences coding for the appropriate enzymes in the microorganisms of the genus *Corynebacterium*, and employing these microorganisms for the fermentation.
7. A process for production as claimed in claim 6, wherein the ilvD gene is additionally amplified (overexpressed).
8. A process as claimed in claims 6 or 7, wherein the ilvBNCD genes are additionally amplified (overexpressed).

9. A process as claimed in claims 6 or 7, wherein the amplification is achieved by increasing the copy number of the genes or nucleotide sequences in the microorganisms by transformation with plasmid vectors harboring these genes or nucleotide sequences.

10. A process as claimed in claims 6 or 7, wherein the amplification is achieved by mutating the promoter and regulatory region located upstream of the structural gene.

11. A process as claimed in claims 6 or 7, wherein the amplification is achieved by incorporating expression cassettes upstream of the structural gene.

12. A process as claimed in claims 6 or 7, wherein the amplification is achieved by extending the life span of the mRNA which is read as template by the abovementioned sequences, and/or preventing the breakdown of the relevant enzyme protein(s).

13. A process as claimed in claims 6 to 12, wherein the genes set forth in claim 1 are overexpressed in corynebacteria which has further metabolite and/or antimetabolite resistance mutations.

14. A process as claimed in claims 6 to 12, wherein the overexpression is achieved by altering the culture medium and/or the fermentation management.

15. A process as claimed in claims 6 to 14, wherein at least one of the metabolic pathways in the microorganisms which reduce pantothenate (pantothenic acid) formation is eliminated.

16. A process as claimed in claims 6 to 15, wherein there is use of microorganisms in which, in addition to one or more of the genes, there is overexpression of the other genes of the metabolic pathway for pantothenic acid formation, singly or together.

17. A process as claimed in claim 15, wherein the *ilvA* gene in the metabolic pathway is eliminated.

18. A process as claimed in one or more of claims 6 to 17, wherein there is use of microorganisms of the genus *Corynebacterium* which comprise the shuttle vector pECM3ilvBNCD.

19. A process as claimed in one or more of claims 6 to 17, wherein there is use of microorganisms of the genus *Corynebacterium* which comprise the shuttle vector pEKEx2panBC.

20. A process for the production of pantothenic acid by fermentation of microorganisms of the genus *Corynebacterium* as claimed in one or more of the preceding claims, which comprises

a) amplification (overexpression) of at least one of the genes *panB* or *panC*, preferably *panBC*, where appropriate in combination with the *ilvD* gene, and

b) concentration of the pantothenic acid in the medium or in the cells of the microorganisms, and

c) isolation of the pantothenic acid.

21. A process as claimed in claims 19 and 20, wherein a precursor of pantothenic acid selected from the group of aspartate, β -alanine, ketoisovalerate, ketopantoate or pantoate is added during the fermentation.

Key to figures:

1. Figure
2. pan BC
2.2 kb
3. kanamycin resistance gene
4. chloramphenicol resistance gene

Method for the fermentative production of D-pantothenic acid using coryneform bacteria

Patent Number: EP1006189
Publication date: 2000-06-07
Inventor(s): SAHM HERRMANN PROF DR (DE); EGGELING LOTHAR DR (DE); THIERBACH GEORG DR (DE)
Applicant(s): DEGUSSA (DE); KERNFORSCHUNGSANLAGE JUELICH (DE)
Requested Patent: ☐ EP1006189
Application Number: EP19990123738 19991130
Priority Number(s): DE19981055312 19981201
IPC Classification: C12N15/52 ; C12N15/54 ; C12N15/60 ; C12N15/77 ; C12P13/02 ; C12N1/21
EC Classification: C12N9/00L, C12N9/10A2, C12N9/88, C12N15/52, C12P13/02
Equivalents: CN1256313, ☐ DE19855312, JP2000166580

Abstract

Data supplied from the esp@cenet database - l2

